

UNIVERSITE CHEIKH ANTA DIOP DE DAKAR



ECOLE DOCTORALE DES SCIENCES DE LA VIE, DE LA SANTE ET DE L'ENVIRONNEMENT

FACULTE DES SCIENCES ET TECHNIQUES

Année : 2015

N° d'ordre : 173

THESE DE DOCTORAT

Spécialité : **Génétique des Populations**

Présentée par :

Ndèye Penda NDIAYE

Evaluation de la diversité et de la structure génétique des races bovines locales (*Artiodactyla : Bovidae*) du Sénégal

Soutenue le 23 Décembre 2015 à 15h devant le jury composé de :

Président :	M. TOGUEBAYE Bhen Sikina	Professeur	UCAD/Dakar
Rapporteurs :	M. NDIAYE Saliou	Maître de Conférences	ENSA/Thiès
	M. KAMGA-WALADJO Alain Richi	Maître de Conférences Agrégé	EISMV/Dakar
	M. CORNUET Jean Yves	Directeur de Recherche	IRD/CBGP
Examineur :	M. SOW Adama	Maître-Assistant	EISMV/Dakar
Co- Directeurs de thèse :	M. SAWADOGO Germain Jérôme	Professeur	EISMV/Dakar
	M. SEMBENE Mbacké	Professeur	UCAD/Dakar

A ma famille que j'aime fort fort,

Mes parents : Seynabou NDIAYE et Ndiouma NDIAYE,

Mes frères,

Ma petite sœur,

Mes grands- parents,

Remerciements

Je rends tout d'abord grâce à **ALLAH**, le Tout Miséricordieux, le Très Miséricordieux, qui m'a donnée la force et la volonté d'aller jusqu'au bout.

Que la paix et la bénédiction d'**ALLAH** soient sur le Prophète **MOHAMMAD**, sa famille et tous ses **compagnons**.

La liste est longue, les sentiments sont forts, l'espace comme le temps sont réduits. Je ferais de mon mieux, mais l'exhaustivité est impossible. L'ellipse recèle beaucoup.

Je remercie très chaleureusement la **Fondation Internationale pour la Science (FIS)**, qui m'a octroyée une bourse pour réaliser cette thèse de doctorat.

A l'**Ecole Doctorale des Sciences de la Vie, de la Santé et de l'Environnement (ED-SEV)**, qui m'a jugée apte à mener ce doctorat.

Au Pr Mbacké SEMEBENE, Responsable scientifique du Laboratoire commun UCAD-IRD-ISRA, CBGP/Bel Air-Dakar, merci d'avoir bien accepté de codiriger ces travaux de thèse et de m'avoir accueilli au sein de votre équipe. Vous avez contribué à ma formation depuis la Licence et guidé mes premiers pas dans la recherche. Vous m'avez fait tant aimer une discipline, la **génétique des populations**, qui est aujourd'hui incontournable dans l'évolution de nombreux domaines tels que la biologie évolutive, la génétique animale, l'écologie, la conservation de la biodiversité etc. Sachez que je ne vous serais à jamais redevable pour ce que je suis devenue aujourd'hui. Votre rigueur dans le travail, votre disponibilité ainsi que vos compétences scientifiques ont fructifié la totalité de mes recherches. Votre qualité humaine a véritablement contribué à ma personne. Un grand merci encore de votre soutien inestimable, de vos encouragements et du travail bien fait que vous m'avez inculqué.

Au Pr Germain Jérôme SAWADOGO, Responsable du Laboratoire d'Endocrinologie et de Radio-immunologie de l'EISMV de Dakar, merci d'avoir bien accepté de codiriger ces travaux de thèse et de m'avoir accueilli au sein de votre unité. Vous m'avez accueillie favorablement dans votre laboratoire depuis mes travaux de mémoire de Master. J'ai toujours été impressionnée par le travail dont vous menez dans les programmes d'insémination artificielle au Sénégal. Votre humilité, votre rigueur scientifique et vos conseils m'ont été d'une grande utilité pour réaliser ces travaux de thèse. Recevez ici tous mes sincères remerciements, mon admiration et ma profonde gratitude.

Au Dr Adama SOW, trouvez dans ce modeste travail tous mes sincères remerciements. Vous avez toujours porté une haute confiance et considération en moi. Depuis mon mémoire de Master, vous n'avez jamais cessé de me soutenir et de m'encourager dans l'objectif d'entreprendre des travaux de thèse. Votre rigueur scientifique et votre démarche qualitative dans la recherche scientifique m'ont été d'une grande utilité pour en arriver là. Vous avez toujours répondu à mes sollicitations et je ne vous remercierais jamais assez pour vos conseils et votre appui durant toutes ces années et qui m'ont aidé à réaliser ce travail.

Au Pr Bhen Sikina TOGUEBAYE, merci très sincèrement d'avoir accepté de présider ce jury.

Au Dr Saliou NDIAYE, la spontanéité avec laquelle vous avez accepté de juger ce travail m'a profondément marquée. C'est un honneur pour moi de bénéficier de votre expertise sur ce travail. Veuillez recevoir mes sincères remerciements.

Au Dr Alain Richi KAMGA-WALADJO, merci d'avoir accepté de juger ce travail en tant que rapporteur.

Au Dr Jean Yves CORNUET, merci d'avoir accepté de juger ce travail en tant que rapporteur.

Aux Dr YAPI-GNAORE, Directrice générale du CIRDES du Burkina Faso et Dr Zakaria BENGALY, Directeur Scientifique du CIRDES, merci de m'avoir accueillie dans votre institution et permis de réaliser le génotypage des loci microsatellites bovins.

Au Dr Guiguigbaza-Kossigan DAYO du CIRDES du Burkina Faso, recevez ici mes plus sincères remerciements pour votre contribution, soutien moral et les moyens que vous avez mis à ma disposition pour la bonne marche de mes travaux. Ce sera toujours un honneur pour moi de bénéficier de votre expertise en la matière.

Au Dr Sophie THEVENON du CIRAD de Montpellier, vous avez en grande partie contribué à la réalisation de ce travail. Les connaissances que j'ai pu bénéficier en vous, m'ont été d'une grande utilité dans la conception de ce travail et dans les analyses en génétique des populations. Veuillez trouver dans ce modeste travail toute ma profonde gratitude.

Aux Dr DIOUF, Dr El Hadji Youssou NDIAYE, Dr Ali BA SOW, Inspecteurs régionaux de l'Elevage de Kaolack, Saint-Louis et Kolda, respectivement. Je vous remercie très sincèrement de votre assistance personnelle et les moyens que vous avez déployés pour la réalisation des missions de terrain.

A M. Maurice KONKOBO, Technicien de la plateforme de génotypage du CIRDES, je ne trouve pas les mots justes pour vous exprimer toute ma reconnaissance. En tout cas un GRAND MERCI.

Aux Dr DIEDHIOU, Dr CAMARA, Dr BANCE, M. ZOUNGROUMANA, M. SYLLA, M. NIANG, M. DEH, M. DIEME, M. BASS et à tous mes collègues stagiaires du CIRDES du Burkina Faso, trouvez ici mes très sincères remerciements.

Merci à toute l'équipe de Génétique et de Gestion des Populations (FST/UCAD) : Dr Cheikh THIAW, Dr Arame NDIAYE, Dr Awa NDIAYE, Dr Toffène DIOME, Dr Assane NDONG, Dr Khadim KEBE, Dr Fatimata MBAYE, Cheikh Abdou Khadre Mbacké DIA, Mama Racky NDIAYE, Adiouma SARR, Asta Eliane BAMBOU, Amy Collé GUEYE, Matar Ciss, Ibrahima SEMBENE, Bakary NDIAYE; au personnel du CBGP/IRD Dakar : Mamadou KANE, Nathalie SARR, Aliou SOW et DIALLO. Merci de votre collaboration, soutien et sympathie durant toutes ces années de labeur.

Merci à mes collègues du Laboratoire d'Endocrinologie et de Radio-immunologie de l'EISMV de Dakar : Dr MIGUIRI, Dr MOUCHE, Dr MANI, Mame Ngoné BEYE, Khadijatou DIENG, Constant ROAMBA, Aïssatou BATHILY et Mor Moussa FALL. Merci pour les moments partagés avec vous dans le travail ainsi que votre soutien et vos conseils.

Merci à mes collègues du Département de Biologie Animale : Dr FALL, Dr WADE, Dr Ndèye Ndiabé MBAYE, M.SEYDI.

A mes amis et promotionnaires de Faculté : Angel SENE, Thérèse DIOUF, Philippe TINE, Seynabou SOUGOUFARA, Ibrahima NDIAYE, Aminata MBAYE, Eugène TINE et à tous mes promotionnaires de la faculté des Sciences et Techniques.

Je dédicace ce travail...

A tous mes membres de ma famille sans qui tout ceci ne serait possible, merci pour votre soutien sans faille ni limites. A ma chère maman Seynabou NDIAYE, mon cher papa Ndiouma NDIAYE, mes frères Birame et Mansour et ma petite sœur Jeanine. A mes oncles Babacar, Aliou et Mbagnick, et mes tantes Anta, Gnïlane et Khady. A toute ma famille à Dakar, Mbour et Kaolack.

A mon Professeur de maths et fidèle ami, M. Aliou DIABANG, je ne vous serais à jamais reconnaissante pour tout ce que vous avez apporté dans ma vie. Votre soutien moral et inconditionnel, vos sages conseils tout au long de mes études m'ont permis d'en arriver là aujourd'hui. Qu'ALLAH, le Tout Puissant vous accorde une longue vie de santé et de bonheur que vous partagerez avec votre famille.

A tous les éleveurs des régions de Kaolack, Saint-Louis et Kolda, mes sincères remerciements et salutations.

Une petite pensée pour les bovins locaux des zones agro-écologiques de la Vallée du Fleuve Sénégal, du Sud du Bassin Arachidier et du Sénégal Oriental/Haute Casamance qui ont permis, bien malgré eux, la réalisation de cette thèse.

UNIVERSITE CHEIKH ANTA DIOP DE DAKAR
ECOLE DOCTORALE DES SCIENCES DE LA VIE, DE LA SANTE ET DE L'ENVIRONNEMENT
FACULTE DES SCIENCES ET TECHNIQUES

THESE DE DOCTORAT

Spécialité : Génétique des Populations

Présentée par : NDIAYE Ndèye Penda

Titre de la thèse : Evaluation de la diversité et de la structure génétique des races bovines locales (*Artiodactyla : Bovidae*) du Sénégal

Date et lieu de soutenance : le 23 Décembre 2015 à la salle de Conférences de l'EISMV de Dakar

Jury : Président : M. TOGUEBAYE Bhen Sikina Professeur/UCAD/Dakar

Membres : M. NDIAYE Saliou Maître de Conférences/ENSA/Thiès

M. KAMGA-WALADJO Alain Richi Maître de Conférences Agrégé /EISMV/Dakar

M. CORNUET Jean Yves Directeur de Recherche IRD/CBGP

M. SOW Adama Maître-Assistant/EISMV/Dakar

M. SAWADOGO Germain Jérôme Professeur/EISMV/Dakar

M. SEMBENE Mbacké Professeur/UCAD/Dakar

Résumé:

Au Sénégal, les croisements génétiques indiscriminés et les changements de systèmes de production ont conduit à une augmentation du flux de gènes entre populations rendant confuse la structure génétique du cheptel bovin local. Cette étude visait à évaluer la diversité et la structure génétique des races bovines locales du Sénégal par caractérisation phénotypique et moléculaire. L'étude a été réalisée dans trois zones agro-écologiques du Sénégal. Divers caractères phénotypiques ont été comparés grâce à des analyses multivariées. La structure génétique des populations échantillonnées a été étudiée à partir de l'ADN obtenu du sang total. L'unité d'échantillonnage a été la race.

La typologie par la classification des vaches a distingué deux groupes phénotypiques. Les animaux du groupe phénotypique I sont caractérisés par la présence d'une bosse thoracique de taille et de forme variables, une couleur unique de la robe et une assez bonne production laitière variant entre 2 et 4 litres de lait par jour voire supérieure à 4 litres. Les animaux du groupe phénotypique II se distinguent par l'absence de bosse, des couleurs composées de la robe et une faible production laitière qui est inférieure à 2 litres de lait par jour.

Le caractère polymorphique des loci microsatellites a permis de mettre en évidence les indices basiques de la diversité génétique, dont les valeurs élevées montrent une importante variabilité génétique chez les populations bovines locales. L'analyse bayésienne révèle qu'au niveau moléculaire les populations locales du Sénégal sont constituées par 3 génotypes, représentés respectivement par le génotype N'Dama, le génotype "hybride" Djakoré et le génotype zébu. Selon la composition génotypique de chacune de ces populations, il ressort de cette étude génétique que N'Dama est une race "pure" qui commence à être affectée par l'introgession génétique. Djakoré, quant à elle, est une population "hybride" stabilisée. Les populations zébu Gobra et zébu Maure pourraient devenir une seule race au niveau moléculaire.

La structuration observée chez les populations bovines locales pourrait être un facteur important pour l'amélioration de la productivité et l'adaptation face aux changements globaux.

Mots clés : Bovins, caractères phénotypiques, diversité, loci microsatellites, structure génétique, Sénégal.

Liste des abréviations

ADN : Acide désoxyribonucléique

ADN_{mt} : Acide désoxyribonucléique mitochondrial

cM : centimorgan

COI: Cytochrome C oxydase I

Cyt-B: Cytochrome B

D-loop: displacement loop

GMQ: gain moyen quotidien

kb: kilo bases

NEC: Note d'état corporel

pb: paires de bases

PCR: Polymerase Chain Reaction

QTL: Quantitative Trait Loci

rRNA: ribosomal ribonucleic acide

SNP: Single Nucleotide Polymorphism

β-LG: bêta lactoglobuline

κ-CN: kappa caséine

Liste des sigles et acronymes

ANSD : Agence Nationale de la Statistique et de la Démographie

BIP : Biodiversity Indicators Partnership

CEDEAO : Communauté Economique des Etats de l'Afrique de l'Ouest

CGRFA: Commission of Genetic Resources for Food and Agriculture

CIPEA : Centre International Pour L'Elevage En Afrique

CRZ : Centre de Recherches Zootechniques

CSAO : Club du Sahel et de l'Afrique de l'Ouest

DAD-IS: Domestic Animal Diversity Information System

FAO: Food and Agriculture Organization

IERM: Institut d'Economie Rurale du Mali

IRIN: Réseaux d'informations régionaux intégrés

ISAG: Advisory Group on Animal Genetic Diversity

ISRA: Institut Sénégalais de Recherches Agricoles

MEATEU : Ministère de l'Équipement, de l'Aménagement du Territoire, de l'Environnement et de l'Urbanisme (Mali)

NISDEL : Nouvelle Initiative Sectorielle pour le Développement de L'Elevage

OCDE: Organisation de coopération et de développement économiques

OMVS: Organisation pour la Mise en Valeur du Fleuve Sénégal

PAM : Programme Alimentaire Mondiale

PIB: produit intérieur brut

PNDE: Plan National de Développement de l'Elevage

TEC : Tarif Extérieur Commun

UEMOA : Union Economique et Monétaire Ouest Africaine

UNEP: United Nations Environment Programme

UNICEF: United Nations International Children's Emergency Fund

Liste des tableaux

Tableau I: Résumé des représentants de la sous-famille des Bovinae (MacEachern <i>et al.</i> , 2009). -----	20
Tableau II: Fréquence des principaux types de microsatellites chez les mammifères (Schibler <i>et al.</i> , 2000).-----	28
Tableau III: Répartition des animaux échantillonnés selon la région d'étude, la localité d'origine et le type d'exploitation.-----	42
Tableau IV: Répartition de l'effectif des types phénotypiques répertoriés en fonction des régions et zones agro-écologiques.-----	46
Tableau V: Fréquences (%) des traits phénotypiques par race. -----	46
Tableau VI: Contributions des variables discriminantes aux axes factoriels F ₁ et F ₂ . -----	50
Tableau VII: Pourcentages des vaches correctement ou incorrectement classées. -----	50
Tableau VIII: Contributions des variables aux axes factoriels F ₁ , F ₂ et F ₃ . -----	51
Tableau IX: Résumé des statistiques descriptives de la taille des troupeaux par type d'élevage. -----	57
Tableau X: Résumé des statistiques descriptives du nombre d'éleveurs par troupeau selon le type d'élevage. -----	58
Tableau XI: Moyennes (\pm SD) des paramètres de production et reproduction des vaches des différents types phénotypiques. -----	66
Tableau XII: Valeurs maximum et minimum des paramètres de production et de reproduction des vaches des différents types phénotypiques.-----	66
Tableau XIII: Moyennes (\pm SD) des paramètres de production et reproduction en fonction du type d'élevage.-----	68
Tableau XIV: Moyennes (\pm SD) des paramètres de reproduction et de production des vaches en fonction du type d'exploitation.-----	71
Tableau XV: Moyennes (\pm SD) de la production laitière et de la durée de lactation en fonction de la localité.-----	73
Tableau XVI: Moyennes (\pm SD) de l'âge au premier vêlage et de l'intervalle vêlage-vêlage en fonction de la localité.-----	75
Tableau XVII: Analyse de variance des moindres carrées de la production laitière, de la durée de lactation, de l'âge au premier vêlage et de l'intervalle vêlage-vêlage des vaches locales en fonction des facteurs environnementaux fixes.-----	76

Tableau XVIII : Moyennes des moindres carrés (\pm SE) de la production laitière en fonction des facteurs environnementaux.-----	77
Tableau XIX : Moyennes des moindres carrés (\pm SE) de la durée de lactation en fonction des facteurs environnementaux.-----	79
Tableau XX : Moyennes des moindres carrés (\pm SE) de l'âge au premier vêlage en fonction des facteurs environnementaux.-----	80
Tableau XXI : Moyennes des moindres carrés (\pm SE) de l'intervalle vêlage-vêlage en fonction des facteurs environnementaux.-----	81
Tableau XXII : Répartition de l'effectif des populations suivant les régions d'étude et zones agro-écologiques. -----	92
Tableau XXIII : Marqueurs microsatellites, séquences des amorces, localisation, température d'hybridation et taille attendue. -----	93
Tableau XXIV : Allèles identifiés par locus microsatellite chez les différentes populations. -----	115
Tableau XXV : Résumé des paramètres génétiques mesurés par locus microsatellite.-----	116
Tableau XXVI : Analyse du déséquilibre de liaison entre génotypes par paire de loci pour l'ensemble des populations bovines en utilisant le G-statistic (log-likelihood ratio).-----	117
Tableau XXVII : Résumé des paramètres génétiques mesurés par population. -----	118
Tableau XXVIII : Liste des allèles privés et leurs fréquences par population. -----	119
Tableau XXIX : Paramètres génétiques estimés par locus microsatellite et par population.-----	121
Tableau XXX : Valeurs de l'index informatif de Shannon entre paires de populations sur l'ensemble des 11 loci.-----	122
Tableau XXXI : Test d'équilibre de Hardy-Weinberg par locus et par population, par estimation exacte des p-values. -----	122
Tableau XXXII : Paramètres de différenciation génétique estimés par locus sur l'ensemble des populations.-----	123
Tableau XXXIII : Estimation de la différenciation génétique entre paires de populations par le F_{ST} (θ , Weir et Cockerham, 1984) et la distance génétique de Reynolds (D_R) (Reynolds, Weir et Cockerham, 1983).-----	124
Tableau XXXIV: Estimation du F_{ST} selon Robertson et Hill (1984) par l'estimateur θ_{RH} .-----	124
Tableau XXXV : Estimation de la diversité génétique par le G_{ST} entre paires de populations.-----	125
Tableau XXXVI : Estimation du flux génique entre paires de populations. -----	125

Tableau XXXVII : Estimation des distances génétiques entre paires de populations.-----	126
Tableau XXXVIII : Analyse de signatures de goulot d'étranglement récent des populations par le test de Wilcoxon. -----	129
Tableau XXXIX : Partition de la variance génétique entre différentes sources de variation par analyse de variance moléculaire (AMOVA) en utilisant 11 loci.-----	132
Tableau XL : Assignation génétique des individus à leur population source par l'approche exclusion-simulation de Cornuet et al. (1999) selon la population totale (F_{ST} moyen = 0,047).-----	133
Tableau XLI : Pourcentages (%) d'individus correctement assignés aux clusters génétiques. -----	135
Tableau XLII : Estimation du coefficient de consanguinité (F_{IS}) et test d'équilibre de Hardy-Weinberg après affectation des migrants.-----	138
Tableau XLIII : Différenciation génétique entre populations après affectation des migrants. -----	138
Tableau XLIV : Distance génétique et flux génique entre populations après affectation des migrants. -----	138
Tableau XLV : Résultats de l'analyse d'association entre l'intervalle vèlage-vèlage et les classes de génotypes homozygotes courts (H, Court), homozygotes longs (H, Long) et hétérozygotes, inférés des loci ETH225 et MM12.-----	142

Liste des figures

Figure 1: Schémas de différentes formes chromosomiques selon la position du centromère (Kaboré, 2012).-----	9
Figure 2: Zébu Gobra mâle (Meyer, 2013).-----	10
Figure 3: Zébu Maure mâle (Meyer, 2013).-----	11
Figure 4 : Taurins N'Dama.-----	13
Figure 5: Taureau Djakoré (FAO, 1979).-----	14
Figure 6: Distribution géographique des trois sous-espèces de l'aurochs, il y a 250 000 ans (d'après Van Vuure, 2005 In Guintard et al., 2008).-----	22
Figure 7: Effets/ fonctions putatifs des SSR (Li et al., 2000).-----	29
Figure 8: Localisation des sites d'étude dans les zones agro-écologiques de la Vallée du fleuve Sénégal (VFS), du Sud du Bassin Arachidier (SBA) et du Sénégal Oriental/Haute Casamance (SOHC) (modifiée de d-maps.com, 2014).-----	35
Figure 9: Taureau zébu Gobra du Sénégal (Meyer, 2013).-----	38
Figure 10 : Vache zébu Maure du Sénégal.-----	38
Figure 11: Vache Djakoré du Sénégal.-----	39
Figure 12: Vache N'Dama du Sénégal en milieu traditionnel.-----	39
Figure 13: Vache N'Dama du Sénégal au CRZ de Kolda.-----	39
Figure 14: Distribution de la variabilité phénotypique totale exprimée par les pourcentages d'inertie des deux axes les plus discriminants dans le plan principal (F ₁ -F ₂).-----	49
Figure 15: Typologie des vaches en fonction des variables les plus discriminantes dans le plan factoriel (F ₁ -F ₂).-----	52
Figure 16: Distribution des élevages bovins suivant les zones agro-écologiques.-----	53
Figure 17: Distribution des différentes communautés de management de la race en fonction du type d'élevage.-----	54
Figure 18 : Distribution du type d'habitat en fonction du type d'élevage.-----	54
Figure 19 : Distribution du type d'exploitation selon le type d'élevage.-----	55
Figure 20 : Distribution de différentes modalités d'utilisation des animaux par ordre d'importance en fonction du type d'élevage.-----	55

Figure 21: Distribution de différentes modalités alimentaires des animaux par ordre d'importance en fonction du type d'élevage. -----	56
Figure 22 : Distribution des différentes modalités de conduites sanitaires des animaux selon le type d'élevage. -----	57
Figure 23 : Distribution des périodes durant lesquelles l'environnement de production décrit ou non un système de transhumance saisonnière suivant les élevages bovins. -----	58
Figure 24 : Distribution en fréquence des modalités des systèmes d'élevage des bovins. -----	59
Figure 25 : Distribution en fréquence des modalités de la période de transhumance en fonction des élevages bovins. -----	59
Figure 26: Distribution en fréquence des modalités de la périodicité de transhumance en fonction du type d'élevage. -----	60
Figure 27: Distribution des modalités des lieux de transhumance par type d'élevage. -----	60
Figure 28: Distribution des différents troupeaux rencontrés durant la transhumance. -----	61
Figure 29: Distribution des modalités de l'effectif requis pour la transhumance. -----	61
Figure 30 : Modalités d'adaptation des animaux en fonction du climat. -----	62
Figure 31: Disponibilité de l'alimentation et de l'eau par type d'élevage. -----	62
Figure 32 : Durée moyenne pendant laquelle les animaux restent dans leur environnement de production par type d'élevage. -----	63
Figure 33 : Durée moyenne de la transhumance des troupeaux de bovins en fonction du type d'élevage. -----	64
Figure 34 : Distribution en fréquences cumulées des intervalles vêlage-vêlage (en mois) des vaches. -----	69
Figure 35 : Distribution en fréquences cumulées des durées de lactation (en jours) des vaches. -----	69
Figure 36 : Profils alléliques des individus après migration sur le séquenceur Li-Cor®. -----	113
Figure 37 : Moyennes (\pm SE) des paramètres génétiques estimés par population. -----	119
Figure 38 : Arbre phylogénétique inféré de la distance D_A (Nei et al., 1983) par l'algorithme UPGMA montrant les relations génétiques entre populations. -----	127
Figure 39 : Arbre consensus des populations construit à partir de la matrice de distance D_{AS} de Chakraborty et Jin (1993) par la méthode du Neighbor-Joining (NJ) montrant les relations génétiques entre populations. -----	128

Figure 40 : Arbre de Neighbor-Joining (NJ) montrant les relations génétiques entre populations, inféré de la distance D_c de Cavalli-Sforza et Edwards (1967). -----	128
Figure 41 : Spectre des fréquences alléliques des populations bovines montrant une distribution normale en forme de "L" et l'absence de goulot génétique récent. -----	129
Figure 42 : Diagramme de l'Analyse en Composantes Principales (ACP) inférée de la matrice de Covariance de la distance génétique non biaisée (D_s) de Nei (1978). -----	130
Figure 43 : Répartition de la variabilité génétique montrant les relations entre populations, exprimée par les pourcentages de variabilité des 3 premiers axes de l'AFC. -----	131
Figure 44 : Assignation génétique des individus des quatre populations par clustering. -----	134
Figure 45 : Structure génétique des populations à $K=3$. -----	134
Figure 46 : Assignation des individus aux différents groupes génétiques, inférée de l'indice d'assignation (Q).-----	135
Figure 47 : Structure génotypique des populations. -----	136
Figure 48 : Diagramme en triangle représentant les relations entre individus des différentes populations en fonction des clusters génétiques. -----	137
Figure 49 : Diagramme de l'Analyse en Composantes Principales (ACP), inférée de la matrice de Covariance de la distance génétique non biaisée (D_s) de Nei (1978) et obtenu après affectation des migrants à leur population source. -----	139
Figure 50 : Répartition de la variabilité génétique selon les 3 premiers axes de l'AFC montrant les relations entre populations après affectation des migrants à leur population source. -----	140

Table des matières

<i>Résumé</i> -----	<i>iv</i>
<i>Liste des abréviations</i> -----	<i>v</i>
<i>Liste des sigles et acronymes</i> -----	<i>vi</i>
<i>Liste des tableaux</i> -----	<i>vii</i>
<i>Liste des figures</i> -----	<i>x</i>
<i>Introduction Générale</i> -----	<i>1</i>
<i>Chapitre I : Revue Bibliographique</i> -----	<i>5</i>
I.1. Contexte général du milieu d'étude et de l'élevage bovin au Sénégal -----	6
I.1.1. Espace sénégalais et ses principales caractéristiques-----	6
I.1.2. Importance de l'élevage bovin au Sénégal-----	7
I.1.3. Contraintes associées au secteur de l'élevage-----	7
I.2. Caractéristiques des ressources bovines locales du Sénégal et des systèmes de production -----	8
I.2.1. Caractéristiques des races bovines locales élevées au Sénégal-----	9
I.2.1.1. Zébu Gobra-----	9
I.2.1.2. Zébu Maure-----	11
I.2.1.3. Taurin N'Dama-----	12
I.2.1.4. Djakoré-----	13
I.2.2. Caractéristiques des systèmes de production-----	14
I.2.2.1. Systèmes traditionnels-----	14
I.2.2.2. Systèmes modernes-----	16
I.3. Notion de race -----	16
I.4. Histoire évolutive de la famille des <i>Bovidae</i> (<i>Artiodactyla</i>, <i>Mammalia</i>) -----	18
I.4.1. Systématique et phylogénie des <i>Bovidae</i> (<i>Artiodactyla</i> , <i>Mammalia</i>)-----	18
I.4.1.1. Evolution phylétique des Artiodactyles (<i>Vertebrate</i> , <i>Mammalia</i>)-----	18
I.4.1.2. Evolution phylétique des Bovidae (<i>Artiodactyla</i> , <i>Mammalia</i>)-----	19
I.4.1.3. Evolution phylétique des Bovinae et ses tribus (<i>Artiodactyla</i> , <i>Bovidae</i>)-----	20
I.4.1.4. Evolution phylétique des sous-espèces taurine et zébu (<i>Bovidae</i> , <i>Bovinae</i>)-----	21
I.4.2. Origine et domestication des bovins-----	22
I.5. Méthodes de caractérisation phénotypique et moléculaire des races animales -----	24
I.5.1. Méthodes de caractérisation phénotypique-----	24
I.5.1.1. Enquêtes-----	24
I.5.1.2. Description phénotypique-----	24
I.5.2. Méthodes de caractérisation moléculaire-----	25
I.5.2.1. Marqueurs moléculaires-----	26

1.5.2.2. Polymorphisme génétique des loci microsatellites : distribution génomique, fonctions putatives et mécanismes mutationnels-----	26
1.5.2.3. Moyens d'étude de l'ADN-----	30
Conclusion partielle -----	31
Chapitre II : Caractérisation phénotypique des races bovines locales du Sénégal-----	32
Introduction-----	33
II.1. Matériel et méthodes -----	34
II.1.1. Sites d'étude -----	34
II.1.1.1. Vallée du Fleuve Sénégal (VFS) et la région de Saint-Louis-----	35
II.1.1.2. Sud Bassin Arachidier (SBA) et la région de Kaolack -----	36
II.1.1.3. Sénégal Oriental/Haute Casamance (SOHC) et la région de Kolda -----	37
II.1.2. Population d'étude -----	38
II.1.3. Echantillonnage-----	40
II.1.3.1. Méthode d'échantillonnage -----	40
II.1.3.2. Collecte des données-----	43
II.1.4. Analyses statistiques -----	44
II.2. Résultats -----	45
II.2.1. Description phénotypique des races locales échantillonnées -----	45
II.2.2. Structure phénotypique des races locales inférée des analyses multivariées -----	48
II.2.2.1. Caractères de discrimination des vaches -----	48
II.2.2.2. Classement des vaches -----	50
II.2.2.3. Typologie des vaches -----	51
II.2.3. Description de l'environnement de production des races locales-----	53
II.2.3.1. Distribution des élevages bovins suivant les zone agro-écologiques -----	53
II.2.3.2. Distribution des descripteurs de la race en fonction des élevages bovins -----	53
II.2.3.3. Distribution des descripteurs l'environnement de production des races locales en fonction du type d'élevage -----	58
II.2.4. Appréciation des performances de production et de reproduction des vaches-----	64
II.2.4.1. Statistiques descriptives des performances de production et de reproduction	64
II.2.4.2. Distribution des intervalles vêlage-vêlage et des durées de lactation des vaches -----	69
II.2.4.3. Effets du type d'exploitation et de la localité sur les performances de production et de reproduction des vaches -----	70
II.2.5. Effets des facteurs environnementaux fixes sur les performances de production et de reproduction des vaches par analyse de variance univariée -----	76
II.3. Discussion -----	82
II.3.1. Structure phénotypique des races locales -----	82
II.3.1.1. Caractères discriminants et classification des types phénotypiques -----	82
II.3.1.2. Typologie des vaches -----	84

II.3.2. Appréciation des traits d'importance économique des vaches et effets des facteurs environnementaux fixes-----	84
II.3.2.1. Paramètres de production-----	84
II.3.2.2. Paramètres de reproduction-----	86
Conclusion partielle -----	88
Chapitre III : Diversité et Structure génétique des populations bovines locales du Sénégal 89	
Introduction-----	90
III.1. Matériel et méthodes -----	91
III.1.1. Sites d'étude-----	91
III.1.2. Population d'étude-----	91
III.1.4. Prélèvements sanguins-----	92
III.1.5. Extraction de l'ADN génomique-----	92
III.1.6. Procédure de génotypage des marqueurs microsatellites -----	92
III.1.6.1. Marqueurs microsatellites sélectionnés-----	92
III.1.6.2. Amplification des marqueurs microsatellites par PCR Li-Cor -----	94
III.1.6.3. Analyse de profils de migration par le programme SAGA ^{GT} Génération 2.0	95
III.1.7. Analyses statistiques et génétiques-----	95
III.1.7.1. Variabilité génétique-----	95
III.1.7.2. Equilibre génétique -----	100
III.1.7.3. Différenciation génétique-----	102
III.1.7.4. Méthodes de reconstruction des arbres phylogénétiques -----	106
III.1.7.5. Structure génétique des populations-----	107
III.1.7.6. Analyse de l'association entre marqueurs moléculaires et l'efficacité de la reproduction par analyse de variance (ANOVA) -----	112
III.2. Résultats -----	113
III.2.1. Génotypage des loci microsatellites -----	113
III.2.2. Variabilité et équilibre génétique-----	114
III.2.2.1. Niveau locus-----	114
III.2.2.2. Niveau population -----	118
III.2.3. Différenciation génétique-----	123
III.2.3.1. Niveau locus-----	123
III.2.3.2. Niveau population -----	123
III.2.4. Relations phylogénétiques entre populations-----	126
III.2.5. Structure génétique des populations-----	129
III.2.5.1. Analyse de goulot d'étranglement démographique-----	129
III.2.5.2. Analyses multivariées -----	130
III.2.5.3. Analyse de variance moléculaire (AMOVA)-----	132
III.2.5.4. Détection de migrants de première génération et assignation génétique des individus -----	132

III.2.5.5. Analyse bayésienne-----	133
III.2.5.6. Simulation de l'équilibre, de la différenciation et de la structure génétique des populations après affectation des migrants à leur population source.-----	137
III.2.5.7. Test d'association entre les marqueurs génétiques (ETH225, MM12) et l'efficacité de la reproduction par analyse de variance (ANOVA)-----	141
III.3. Discussion-----	143
III.3.1. Variabilité génétique des populations-----	143
III.3.2. Différenciation génétique des populations-----	146
III.3.3. Relations phylogénétiques entre populations-----	149
III.3.4. Structure génétique des populations-----	149
Conclusion partielle -----	152
<i>Conclusion générale et Perspectives -----</i>	<i>153</i>
<i>Références Bibliographiques -----</i>	<i>156</i>
<i>Annexes-----</i>	<i>174</i>

Introduction Générale

Au Sénégal, l'élevage de bétail représente un important moyen de subsistance pour 3,5 millions d'individus et contribue pour 35% du PIB du secteur primaire et 7% du PIB national (Gueye, 2011). Outre la richesse qu'il constitue pour la plupart des couches les plus vulnérables du monde rural, il fournit également plusieurs services au sein des écosystèmes dont il fait partie. La valeur des ressources zoogénétiques va bien au-delà de leur usage actuel, car elles fournissent des options pour l'avenir et il est possible qu'une race ou une population d'une importance minimale aujourd'hui se révèle extrêmement précieuse à l'avenir (BIP, 2010).

Le cheptel du Sénégal compte 3,5 millions de bovins, 10 millions de petits ruminants et environ un million d'équins et asins (Gueye, 2011). Les animaux en pâturage tels que les bovins et les petits ruminants stimulent la croissance des plantes, éliminent la biomasse excédentaire et contribuent au cycle des substances nutritives. L'importance des races locales pour l'agriculture dérive du fait qu'elles sont adaptées aux conditions locales souvent rigoureuses, qu'elles renferment un matériel génétique unique servant aux programmes de reproduction et qu'elles sont souvent à la base des moyens de subsistance des ménages pauvres (BIP, 2010).

Afin de promouvoir la sécurité alimentaire par l'intensification des productions animales au Sénégal, de 1968 à nos jours, l'ampleur des croisements entre races locales et exotiques à travers l'insémination artificielle bovine n'a cessé d'augmenter. Les premiers travaux ont été ainsi menés au Centre de Recherches Zootechniques (CRZ) de Dahra dans un projet appuyé par la FAO, le PAM et l'UNICEF (Dia *et al.*, 2009). De ces croisements génétiques, ont résulté des "métis" avec de meilleures potentialités de production que les bovins locaux. Ces types génétiques améliorés ont connu aujourd'hui une dispersion rapide dans les principales zones agro-écologiques du Sénégal y compris dans certains pays transfrontaliers (Ndiaye *et al.*, 2012). Toujours, dans les stratégies d'amélioration de la productivité du bétail en Afrique de l'Ouest, la transhumance transfrontalière est apparue comme un phénomène massif après les sécheresses de 1973 et 1984. Cette transhumance concerne avant tout les bovins qui ont une demande en quantité et en qualité de fourrages plus importante que les caprins ou les ovins (FAO, 2012). Parmi les principaux axes de la transhumance transfrontalière en Afrique de l'Ouest, figurent les axes Mauritanie-Sénégal et Sénégal-Gambie. La circulation des flux de bétail entre le Sénégal et la Gambie étant en principe facilitée, de nombreux troupeaux sénégalais transhument vers la Gambie car cette région dispose de ressources hydriques supérieures à celle de la Haute Casamance (FAO, 2012). En Mauritanie, le flux d'animaux transhumants en direction du Sénégal et du Mali est estimé à plus d'un million de têtes, soit 5

à 10% du cheptel mauritanien (IRIN Afrique 2006 *In* CSAO-OCDE/CEDEAO, 2008). Le choix des itinéraires de la transhumance favorise d'avantage les mélanges génétiques entre populations locales et transfrontalières de systèmes de production différents. En conséquence, la structure génétique du cheptel bovin laitier apparaît très confuse sur le territoire sénégalais.

Lors d'une étude d'identification des races locales et métisses élevées au Sénégal par l'utilisation du Cytochrome B, Ndiaye *et al.* (2012) ont montré la présence d'une forte variabilité génétique intra-population chez trois races locales (zébu Gobra, N'Dama et Djakoré) et d'une faible différenciation génétique entre ces dernières et les races métisses. Cette forte variabilité génétique laisse supposer que les individus qui composent une population donnée ne partagent pas le même pool génétique, et donc le phénomène d'introgression génétique a dû affecter ces populations. De plus, la faible différenciation génétique présume que toutes les races appartiennent à une même sous-espèce, alors que l'estimation des temps de divergence indique une séparation sans équivoque des deux lignées (*Bos taurus* : taurin N'Dama et *Bos indicus* : zébu Gobra, Djakoré) il y'a environ $2,0 \pm 0,14$ millions d'années (basée sur des séquences nucléotidiques) (Loftus *et al.*, 1994 ; MacHugh *et al.*, 1997). Cela serait probablement dû à une forte introgression de zébus vers les taurins, suivie d'admixture génétique entre populations à travers les déplacements saisonniers au vu de l'absence de barrières physiques entre les différentes aires de distribution de ces populations. D'après les conclusions de Ndiaye *et al.* (2012), seule la race zébu Gobra aurait encore conservé son statut de race locale "pure" tandis que les autres en l'occurrence les races N'Dama et Djakoré l'auraient perdu secondairement. Cette situation prouve que la dilution du pool génétique de ces populations bovines peut mener vers une érosion génétique pouvant constituer une menace pour la conservation des races locales. D'après, Rege et Gibson (2003), l'utilisation du matériel génétique exotique, les changements des systèmes de production et les préférences des producteurs poussées par des facteurs socio-économiques sont les principales causes de l'érosion génétique (perte de caractères spécifiques pouvant conduire à la disparition d'une race). Ainsi, le degré de dilution encore inconnu du patrimoine génétique de ces races locales n'a-t-il pas pu modifier leur pool génétique au cours du temps ?

D'ailleurs, au cours de sa XIV^{ième} session régulière en Avril 2013, la Commission des Ressources Génétiques pour l'Alimentation et l'Agriculture (CGRFA/FAO) a élaboré une feuille de route sur le changement climatique et son impact sur les ressources génétiques. Parmi les mesures prioritaires établies, figure, l'amélioration de la caractérisation des animaux d'élevage pour faire face aux changements climatiques, l'autosuffisance alimentaire et la

préservation de la biodiversité (CGRFA/FAO, 2013). C'est dans un tel contexte que nous avons formulé l'hypothèse selon laquelle : les croisements génétiques indiscriminés et les modifications des systèmes de production ont pu conduire à une augmentation du flux de gènes entre populations, bien que ces races locales fussent bien différenciées en raison de leur origine (zébu versus taurin), de leur histoire (échanges de reproducteurs supposés limités auparavant) et de l'utilisation de ces populations dans des environnements et des systèmes d'élevage différents. On s'attend donc à discriminer les populations sur la base des caractères phénotypiques et des fréquences alléliques. Afin de vérifier cette hypothèse, l'objectif de ce travail de thèse était d'évaluer la diversité et la structure génétique des races bovines locales du Sénégal en vue de l'amélioration de la productivité pour une meilleure gestion et préservation de la biodiversité de l'espèce bovine. Partant de cet objectif général, deux objectifs spécifiques ont été définis à savoir :

- ✓ Caractériser phénotypiquement les races bovines locales ;
- ✓ Estimer la diversité et déterminer la structure génétique des populations bovines locales.

La présente thèse est structurée en trois chapitres. Le premier chapitre porte sur la revue bibliographique et fait le point sur les caractères ethnologiques et zootechniques des races bovines locales élevées au Sénégal, les différents systèmes de production ainsi que l'histoire évolutive de la famille des *Bovidae* (*Artiodactyla*, *Mammalia*). Pour boucler ce chapitre, une synthèse a été effectuée sur les différents outils et méthodes de caractérisation phénotypique et moléculaire. Le deuxième chapitre a traité de la caractérisation phénotypique des races locales bovines. Dans le troisième chapitre, la diversité et la structure génétique des populations bovines ont été évaluées à l'aide de marqueurs microsatellites. Enfin, la dernière partie de ce document a été consacrée à une conclusion générale et des perspectives à l'issue de ces travaux de recherche.

Chapitre I : Revue Bibliographique

I.1. Contexte général du milieu d'étude et de l'élevage bovin au Sénégal

I.1.1. Espace sénégalais et ses principales caractéristiques

D'aucuns parlent de « Finistère ouest-africain », d'autres de « Sahel maritime », ces deux images caractérisent bien le Sénégal, le plus occidental des pays d'Afrique de l'Ouest et le seul pays sahélien à jouir d'une façade maritime sur l'Océan Atlantique qui s'étale sur près de 700 km (Paul, 2005).

S'étendant sur 196 712 km², le Sénégal est situé entre 12°5 et 16°5 de latitude Nord et 11°5 et 17°5 de longitude Ouest. C'est un petit pays, tant par sa taille que par sa population, estimée à 12 855 153 habitants en 2011, soit une densité de 65,3 habitants au km². Le Sénégal porte le nom de l'un des principaux fleuves qui le sépare du nord de la République Islamique de Mauritanie. Au sud, il confine avec la Guinée Bissau, lusophone et la République de Guinée, francophone. A l'ouest, il est limité par l'océan Atlantique. A l'est, la rivière Falémé délimite sa frontière avec le Mali. Enfin, particularité héritée de l'histoire, la République de Gambie, anglophone, forme à l'intérieur du Sénégal une curieuse enclave le long du fleuve Gambie (ANSD, 2013).

Le Sénégal appartient à l'Afrique subsaharienne. Le climat est de type soudano-sahélien caractérisé par l'alternance d'une saison sèche et d'une saison des pluies. La pluviométrie moyenne annuelle suit un gradient décroissant du sud au nord du pays. Elle passe de 1200 mm au sud à 300 mm au nord avec des variations d'une année à l'autre. (ANSD, 2013). En outre, le Sénégal est un pays plat dont le relief s'incline doucement vers l'océan. L'altitude y dépasse rarement 100 m. Les rares accidents du relief sont constitués par les deux « mamelles » volcaniques de la presqu'île du Cap-Vert et les premiers contreforts du Fouta-Djallon au sud-est (Paul, 2005).

Par-dessus de l'Océan Atlantique qui le limite à l'Ouest, les ressources en eaux de surface au Sénégal sont constituées par quatre fleuves et leurs affluents auxquels s'ajoutent quelques cours d'eau temporaires. Les bassins qui traversent le Sénégal forment deux systèmes importants : les cours inférieurs du fleuve Sénégal et le cours moyen du fleuve Gambie. Le Sine et le Saloum sont des bras de mer, alors que le fleuve Casamance est un petit cours d'eau côtier. A ce régime hydrologique s'ajoutent, les grands barrages de Diama et de Manantali que le Sénégal partage avec le Mali et la Mauritanie à travers l'Organisation pour la Mise en Valeur du Fleuve Sénégal (OMVS), et qui contribuent à la maîtrise des ressources hydrauliques pour le développement de l'agriculture, de l'élevage, de la navigation, de l'approvisionnement en eau potable et en énergie pour les populations (ANSD, 2013).

I.1.2. Importance de l'élevage bovin au Sénégal

L'élevage constitue avec l'agriculture, les principales activités des populations rurales, en tant que sources d'aliments et de revenus. Longtemps pratiqué sous forme extensive, l'élevage se modernise de plus en plus avec l'installation de fermes industrielles et l'introduction de nouvelles races plus productives. Le cheptel bovin joue un rôle important au triple plans économique, social et de la sécurité alimentaire. La valeur du cheptel sur pied est estimée à 847,48 milliards de francs CFA (1,7 milliards de dollars US) dont près de 585 milliards (1,2 milliards de dollars US) pour le seul cheptel ruminant (PNDE, 2011). En effet, l'enquête réalisée auprès des ménages, a confirmé que le bétail constitue une richesse essentielle au Sénégal, étant donné que 68% des ménages sénégalais possèdent du bétail, notamment 90% de ménages ruraux et 52% des ménages urbains cytadines. Les femmes jouent un rôle primordial en milieu pastoral, notamment l'entretien des vaches lactantes et des veaux, l'élevage des espèces à cycle court (volaille), la transformation et la commercialisation du lait, etc. (PNDE, 2011).

Par ailleurs, la production nationale de lait, tous systèmes de production comprises, était estimée à 180,9 millions de litres en 2010 (PNDE, 2011). Cette faible productivité toujours en dessous de la barre visée par les pouvoirs publics (400 millions de litres), a favorisé une hausse considérable des importations au cours de ces dernières années. Par conséquent, les importations de lait ont atteint, en 2010, un volume de 42 081 tonnes, soit 61 % de la consommation nationale pour une facture laitière de 59 milliards de francs CFA (PNDE, 2011).

Toutefois, la filière bétail-viande a connu des progrès avec une baisse des importations de produits carnés particulièrement en 2010 (7685 tonnes) au profit d'une production nationale estimée à 176 840 tonnes, dont 43% de viande bovine, 26% de viande de volaille, 23% de viande de petits ruminants et 8% de viande porcine. Cette évolution présente un grand intérêt dans un contexte où la filière est considérée comme prioritaire dans le cadre de l'UEMOA et que la viande est proposée à la 5^{ème} bande du TEC de la CEDEAO (PNDE, 2011).

I.1.3. Contraintes associées au secteur de l'élevage

Malgré les efforts consentis par l'Etat Sénégalais et l'appui financier des partenaires au développement, à travers les projets de développement, les productions animales nationales demeurent encore insuffisantes à cause de la faible productivité des vaches locales. Ce déficit en production est lié à plusieurs aspects d'ordre éthologique, socio-environnemental et économique. Dans les programmes d'insémination artificielle, le faible taux de réussite au Sénégal demeurant toujours inférieur à l'optimum fixé à 70% (Kouamo *et al.*, 2009), est l'un

des facteurs associés à l'insuffisance de la productivité. De plus, la faiblesse de l'investissement public et privé, conjuguée avec l'incidence de maladies animales endémiques, l'insuffisance des moyens humains et logistiques et la non maîtrise des effectifs du cheptel, constituent également des facteurs qui freinent le développement de ce secteur (ANSD, 2013).

Outre cela, la compétitivité des animaux de boucherie en plus des sévérités liées à la transhumance, associés à la préférence des transformateurs penchant plus pour le lait en poudre compte tenu de son coût d'acquisition beaucoup plus bas, des difficultés liées à l'alimentation et l'abreuvement, représentent les principales contraintes que subit encore ce sous-secteur. D'autant plus, l'absence d'un véritable service d'appui conseil est la cause de la déficience des relations entre le développement et la recherche. Ceci a conduit à la non diffusion des résultats de la recherche en matière de santé, de production et de génétique animale, etc. (PNDE, 2011).

I.2. Caractéristiques des ressources bovines locales du Sénégal et des systèmes de production

En Afrique soudano-sahélienne, nous distinguons généralement deux sous-espèces de bovins tropicaux, les zébus et les taurins. Cependant, selon la loi de Haldane, la viabilité et la fertilité de leurs hybrides supposent que cette différenciation basée sur la morphologie est inexacte (Duplan et Szermeta, 1980 *In* Bouyer, 2006).

Les zébus (*Bos taurus indicus*, Linnaeus, 1758) à bosse thoracique sont essentiellement rencontrés en zone sèche car ils sont très sensibles aux trypanosomes. Au Sénégal, deux types de zébus sont distingués selon leur origine et la morphologie de leurs cornes : le zébu sahélien (zébu Maure) à cornes courtes ou moyennes et le zébu peulh (zébu Gobra) à cornes plus ou moins longues ou géantes (Meyer, 1998).

Les taurins (*Bos taurus*, Linnaeus, 1758) ou bovins sans bosse sont plus répandus en zone humide car capables de survivre et de se reproduire en présence de trypanosomes, ils sont trypanotolérants. Au Sénégal, on retrouve le taurin N'Dama à longues cornes qui se distinguent essentiellement des groupes Lagune et Baoulé à cornes courtes (Meyer, 1998).

Parmi les hybrides fertiles de ces deux sous-espèces, nous avons Djakoré au Sénégal qui résulte du croisement naturel entre zébu Gobra et taurin N'Dama selon sa morphologie et son origine géographique (Broutin *et al.*, 2000). Egalement au Mali, nous retrouvons Méré (Bambara) qui est un hybride entre zébu Peulh et taurin N'Dama (Meyer, 1998).

Chez les bovins, sur le plan caryotypique, 60 chromosomes sont distingués, et parmi ceux-ci 58 sont des autosomes et 2 hétérosomes. Leur caractéristique morphologique permet de les distinguer clairement. Chez les bovins ouest-africains, les autosomes sont acrocentriques et

le chromosome Y est sub-métacentrique chez les taurins, alors qu'il est acrocentrique chez les zébus (Kieffer et Cartwright, 1968 ; Belemsaga, 2000). Aussi, chez certains races de zébus d'Afrique du Sud notamment Africander, Bonsmara, Drakensberger, Nguni et Pedi, le chromosome Y est sub-métacentrique comme chez les taurins ouest-africains (Kaboré, 2012).

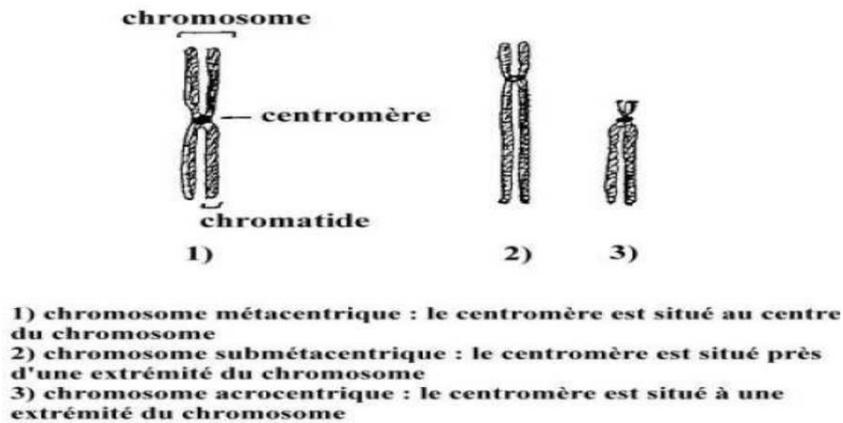


Figure 1: Schémas de différentes formes chromosomiques selon la position du centromère (Kaboré, 2012).

I.2.1. Caractéristiques des races bovines locales élevées au Sénégal

I.2.1.1. Zébu Gobra

Les populations actuelles de zébus africains seraient issues d'une hybridation entre des zébus migrants (originaires de l'Inde) de ce continent et les populations taurines autochtones de la région nord-est de l'Afrique. L'analyse du chromosome Y en fait l'évidence d'une conséquente introgression (Bradley *et al.*, 1994) qui aurait produit les types de zébu africain.

Au Sénégal, les populations de zébu Gobra auraient été introduites par les migrations sémites de la deuxième moitié du huitième siècle dans le bassin inférieur au Fouta Toro (département de Matam). Le zébu Gobra se répandit ensuite au neuvième siècle dans le plateau du Ferlo et les régions situées plus à l'Ouest. Après son introduction, il a donné dans ces régions deux variétés : peulh et sérère (Diawara, 1984).

Au Sénégal, le milieu du zébu Gobra est limité par la présence de trypanosomes auxquels il est sensible. Il s'étend du bas-plateau du Ferlo à la plaine occidentale et se situe entre 12° et 16° de longitude ouest, et entre 13,5° et 16,5° de latitude nord.

Le zébu Gobra est un animal sub-convexiligne, eumétrique, médioligne et adapté aux conditions climatiques sahéliennes. C'est un zébu caractérisé par la présence d'une bosse thoracique très développée et d'un fanon abondant, large et surtout plissé près des membres antérieurs. Les mâles peuvent atteindre 1,50 m au garrot et un poids moyen de 450 kg, alors

que chez les femelles, la taille au garrot atteint 1,25 m pour un poids moyen de 550 kg (DAD-IS, 2013). Le zébu Gobra est le meilleur modèle de boucherie parmi les zébus d’Afrique de l’Ouest, comme pour les travaux agricoles aussi (Meyer, 2013). La tête est fine et longue ; et les oreilles longues et dressées. Les cornes qui peuvent atteindre jusqu’à 80 cm de longueur, sont portées en lyre haute. La queue qui dépasse la pointe du jarret de quelques cm est terminée par un toupillon important. La robe est uniformément blanche mais quelquefois blanc rayé de noir, rouge-pie ou froment (Figure 2) (Missohou *et al.*, 1997 ; Meyer, 2013).

Les performances de production mesurées sur des animaux maintenus en conditions de transhumance et rentrés à l’étable pendant 6 mois laissent apparaître des résultats modestes : en moyenne 2,5 litres de lait par jour et 900 kg par an, un GMQ de 300 g/j et un rendement de carcasse de 52% (Paul, 2005). La production laitière moyenne en milieu traditionnel exclusif pour la même durée de lactation, environ 1,5 à 2 litres, qualifie la vache zébu Gobra de mauvaise laitière (Cissé, 1992). L’âge moyen à la reproduction chez les adultes (mâles et femelles) est estimé à 48 mois (DAD-IS, 2013). Chez la femelle zébu Gobra, l’âge au premier vêlage varie de 48 à 60 mois en élevage traditionnel (Thiam, 1989) et de 47 mois en station (Sow *et al.*, 1988). L’intervalle vêlage-vêlage est de 24 mois en milieu traditionnel (Denis et Thiongane, 1973) et de 18 mois en station (Sow *et al.*, 1988).

La population de la race zébu Gobra était estimée à 2 400 000 têtes en 2012 et les femelles en race pure constituaient 0,005% de la population en 2006 (DAD-IS, 2015). La taille des troupeaux varie en moyenne entre 10 et 60 têtes (Meyer, 2013).



Figure 2: Zébu Gobra mâle (Meyer, 2013).

I.2.1.2. Zébu Maure

Les zébus Maure sont des bovins sahéliens rencontrés en Mauritanie, au Mali et au nord de la boucle du Niger. Au Sénégal, ils sont essentiellement localisés le long de la frontière avec la Mauritanie, plus précisément, la vallée du fleuve Sénégal (Cissé, 1992).

Le zébu Maure est un animal convexiligne, médioligne, eumétrique de 1,25 à 1,30 m de taille chez le taureau et la vache et de 1,40 à 1,50 m chez le bœuf. Le poids varie entre 350 et 500 kg chez le taureau et le bœuf ; de 250 à 300 kg chez la vache en élevage traditionnel. La tête est longue et fine à profil rectiligne. Les cornes sont en lyre courtes, cylindriques, de couleur brunâtre ou grisâtre chez le mâle et le bœuf, et longues et fines chez la vache. Le fanon est non plissé et non allongé en arrière. Le garrot est bien sorti. La queue est fine et longue. Les muqueuses sont claires ou foncées (Kane, 1995). La bosse est plus grande chez le taureau (10-20 cm) que chez la vache (Meyer, 2013). La robe est généralement rouge ou pie-rouge, parfois pie-noir (Kane, 1995). Dès fois, elle peut varier du brun au fauve (Figure 3) (Meyer, 2013).

Chez le zébu Maure, la plupart des bœufs sont dressés au portage. Cette adaptation au travail locomoteur fait que sa conformation se prête mal à l'engraissement. Néanmoins, on trouve de bons modèles à l'âge de 8 à 12 ans, qui présentent un bon développement musculaire (Meyer, 2013). Le poids fourni un rendement de carcasse de première qualité de 50 à 52% et 42% environ pour ceux qui vivent des pâturages les plus pauvres.

Chez la vache zébu Maure, l'âge moyen au premier vêlage est de 42 mois en station et l'intervalle moyen vêlage-vêlage est de 16 mois (CIPEA/IERM, 1978). En bonne saison (hivernage) et en élevage extensif, la vache zébu Maure est considérée comme une assez bonne laitière avec une production pouvant aller de 4 à 5 litres de lait en 240 jours (Kane, 1995 ; MEATEU, 2001).



Figure 3: Zébu Maure mâle (Meyer, 2013).

I.2.1.3. Taurin N'Dama

La race N'Dama ou "*West African Longhorn*" constitue le type de taurin à longues cornes. Longtemps trouvé en Afrique, on lui reconnaît classiquement un berceau de race assez ancien au Fouta-Djallon, massif de la moyenne Guinée, où se trouvent les troupeaux les plus importants. Les hauts plateaux prolongeant ce massif dans le sud du Sénégal hébergent ce bétail, de même que certains pays comme la Côte d'Ivoire et le Mali (Lhoste, 1978). Au Sénégal, deux variétés de la race N'Dama sont distinguées:

- la grande N'Dama, retrouvée en Moyenne et Haute Casamance et dans le Sénégal Oriental. Cette variété comporte plusieurs phanérotypes qui se différencient par la couleur de la robe et des muqueuses.
- la petite N'Dama, localisée principalement en Basse Casamance, regroupe deux variétés qui semblent plus homogènes que celles de la grande N'Dama (Konté, 1994).

Le taurin N'Dama est une race très rustique et caractérisée d'une grande résistance à la trypanosomose. La conformation générale est massive et trapue chez les taureaux, mais fine chez la vache. La tête, forte et large est munie de cornes en lyre effilées aux extrémités. La robe présente toutes les nuances du fauve, mais la plus répandue est le froment ordinaire (Figure 4) (Meyer, 2013). Les muqueuses sont roses, mais aussi fréquemment noires. Pour les variétés grande et petite N'Dama, plusieurs groupes sont observés en fonction de la couleur de la robe, allant du blanc au rouge, noir, marron, gris etc. ; et des muqueuses, allant du foncé au clair (Touré, 1977). C'est un animal de petite taille avec 116 cm chez le mâle et 113 cm chez la femelle de 4 ans. Le poids adulte pouvant atteindre généralement 300 kg, lui confère une bonne aptitude bouchère avec un rendement de carcasse entre 48 et 55% (Coulomb, 1976).

Chez la vache N'Dama, l'âge au premier vêlage est de 47 mois en milieu traditionnel, cependant, il peut atteindre 35 mois en milieu semi-intensif (Coulomb, 1976). L'intervalle vêlage-vêlage varie de 18 à 24 mois en milieu traditionnel et de 14 à 15 mois en station (CIPEA/FAO/UNEP, 1979). Des études ont montré que les vaches N'Dama peuvent être plus précoces avec un premier vêlage à deux ans environ en élevage semi-extensif. Selon Roberts et Gray (1973), un vêlage est possible tous les 12 mois. La production laitière de la vache N'Dama varie de 2 à 3 litres par jour pour une lactation de 150 à 185 jours avec un taux de matière grasse élevée ($4,75 \pm 1,5$ g/l) (FAO, 1997). Des productions laitières de 269 à 731 kg pour une durée de 157 à 210 jours ont été enregistrées (Coulomb, 1976). La population de la race N'Dama s'estimait à 850 000 têtes en 2012 (DAD-IS, 2015).



Figure 4: Taurins N'Dama.

I.2.1.4. Djakoré

Dans le Bassin Arachidier et au Sénégal Oriental, se rencontre une population bovine plus ou moins stabilisée, appelée localement Djakoré ou race du Sine. Ce dernier est supposé résulter du croisement naturel entre zébu Gobra et taurin N'Dama (Broutin *et al.*, 2000). Cette race souvent dénommée “métis” zébu Gobra-N'Dama, s'est développée dans la partie centrale du Sénégal suite à une épizootie de peste bovine qui avait décimé le cheptel, laissant ainsi des zones pauvres en bétail, riches en pâturage, mais plus ou moins infestées de glossines. Les bovins de la race Djakoré ont une trypanotolérance relative et présentent un double intérêt, notamment en embouche bovine car ils gagnent rapidement du poids et en traction car leur format est compatible avec les travaux agricoles (Touré, 1977).

C'est un animal de grande taille. La tête forte à profil droit, est relativement courte. La bosse est petite et à peine marquée. Le fanon est court et peu développé. La poitrine est large. Les membres sont fins et plutôt courts. Les muqueuses sont dépigmentées ou grises. La robe est généralement blanchâtre, rougeâtre, grisâtre ou jaunâtre avec les membres plus sombres (DAD-IS, 2013). La taille moyenne des adultes est de 1,35 m (Figure 5). Le poids corporel s'estime à 332 kg chez les femelles et 369 kg chez les mâles de trois ans (FAO, 1979). C'est un type sédentaire, mauvaise laitière, mais bon animal de boucherie (Konté, 1994). L'aptitude au travail est élevée : il est facile à dresser, docile et endurant. Seulement, son poids réduit limite ses possibilités de travail (Meyer, 2013). En 2012, la population était estimée à 500 000 têtes (DAD-IS, 2015).



Figure 5: Taureau Djakoré (FAO, 1979).

I.2.2. Caractéristiques des systèmes de production

Selon la disponibilité des ressources végétales qui déterminent les modes de conduite des troupeaux, différents systèmes d'élevages existent. En Afrique soudano-sahélienne et au Sénégal, ces systèmes sont répartis en deux types :

- les systèmes traditionnels pastoraux ou agropastoraux,
- les systèmes modernes semi-intensifs ou intensifs.

I.2.2.1. Systèmes traditionnels

Les plus souvent rencontrés, concernent la plus grande partie du cheptel qui est conduit selon un mode extensif et sont caractérisés par un faible investissement physique et une faible productivité (Diop, 1995 ; Bouyer, 2006).

➤ Système pastoral

Le système pastoral caractérisé par la transhumance avec comme objectif primordial la recherche de pâturages en exploitant de très vastes espaces et parcours, impliquant donc exclusivement l'élevage (Bouyer, 2006). Au nord du Sénégal, dans la zone écologique du Ferlo (zone sylvopastorale), s'observe la pratique de la transhumance utilisant 15% du cheptel bovin durant une partie de l'année à la recherche de points d'eau et de pâtures. Il s'agit d'un élevage de type extensif caractérisé par des troupeaux des races zébu Gobra et zébu Maure, et souvent associés à des ovins ou caprins entretenus par des éleveurs peuhls qui vivent en campements dispersés. Les vaches lactantes restent au campement ; le lait sert essentiellement à la nourriture du veau (prélèvement estimé à 50% de la production) et le reste est traité – souvent une seule fois par jour – pour l'autoconsommation (Broutin *et al.*, 2000 ; Grégoire, 2010).

La vallée du fleuve est également une zone d'élevage de type extensif, utilisant 15% du cheptel et marqué par un mouvement pendulaire du cheptel entre le Diéri (intérieur des terres - Ferlo) et le Walo (zone inondable). La vallée du fleuve et le Ferlo sont considérées comme la principale zone excédentaire en lait des éleveurs, cependant, ils ne cherchent pas à favoriser son accroissement mais plutôt l'augmentation du troupeau et la production de viande. L'excédent de production est surtout lié à la taille du cheptel et la faiblesse du marché local (Broutin *et al.*, 2000).

➤ **Système agropastoral**

Le système agropastoral intègre l'agriculture et l'élevage, permettant ainsi la valorisation des sous-produits agricoles. En effet, l'élevage apporte à l'agriculture les facteurs essentiels à son développement, par exemple les fertilisants et la force de travail (traction animale) ; et en retour, les animaux reçoivent les résidus de récolte (Bouyer, 2006). Ce système se trouve davantage dans les zones à vocation mixte, notamment le centre du Bassin Arachidier avec une tendance à l'extension vers le nord et le sud du pays. A peu près, 25% du cheptel bovin évolue dans ce système. Le bétail est considéré pour les agriculteurs comme un moyen d'épargne et un outil de production. Il est cependant confronté à l'extension des surfaces agricoles au détriment des surfaces pastorales. La pression foncière induit un phénomène d'intensification mais la baisse des ressources naturelles nécessite le recours à des compléments qui expliquent les coûts de production plus élevés que dans la zone du Ferlo. Dans cette zone, se trouve au nord, la race zébu Gobra et vers le sud la race Djakoré. L'embouche s'y développe et l'insémination artificielle a également fait son apparition avec des projets appuyés par l'Etat et des partenaires privés (Broutin *et al.*, 2000).

Le sud du pays (Kolda, Ziguinchor, Tambacounda) est aussi caractérisé par l'intégration de l'élevage dans les systèmes de production agricole, des ressources alimentaires disponibles (sous-produits agricoles et agro-industriels) (Grégoire, 2010). Cette zone qui regroupe 45% du cheptel bovin (la race N'Dama en raison de sa trypanorésistance), se détermine par des volumes de pluies suffisamment importants (plus de 1000 mm d'eau/an), une végétation naturelle abondante et donc des potentialités laitières élevées. Cette partie du sud comme le Bassin Arachidier serait autosuffisante en produits laitiers. Les potentialités sont cependant plus fortes que celles du Bassin Arachidier en raison d'une plus faible pression foncière et l'existence de parcours importants, ainsi que la possibilité de combiner l'utilisation de ressources naturelles à une intensification avec stabulation des animaux (coûts de production plus faibles) (Broutin *et al.*, 2000).

I.2.2.2. Systèmes modernes

➤ Système semi-intensif

Le système semi-intensif est un système de production encadré qui vise à améliorer l'élevage traditionnel par le biais de l'alimentation, la santé et la génétique. Les vaches en lactation sont placées en stabulation et avec une supplémentation alimentaire. D'après Bouyer (2006), il a permis d'atténuer l'effet dépressif de la saison sèche, par conséquent, une augmentation de la production laitière journalière de 3,30 à 5,07 litres, une meilleure croissance des veaux, une reprise plus précoce de l'activité sexuelle et une production appréciable de fumure organique. Ce mode de production est proposé par les projets ou les programmes financés par l'Etat et les partenaires au développement (Byungura, 1997 ; Bouyer, 2006).

➤ Système intensif

Au début des années 80, est apparu l'élevage dit moderne dans la zone périurbaine de Dakar avec l'importation des races tempérées à haut potentiel laitier, l'utilisation d'intrants alimentaires plus importants (concentrés, complexes minéralo-vitaminés) et soins vétérinaires. Par conséquent, plusieurs fermes de production laitière sont localisées dans la zone des Niayes avec l'exploitation de divers troupeaux de races laitières (Jerseyaise, Montbéliarde, Holstein, etc.) représentant environ un millier de vaches dont les performances assez faibles ne permettent qu'une production d'un million de litres par an (Grégoire, 2010). La localisation de ce type d'élevage dans la zone périurbaine permet d'une part de pallier les problèmes liés à l'approvisionnement des sous-produits agro-industriels. La production laitière sert à répondre à une forte demande en lait frais des grandes villes (Bouyer, 2006). Ce système regroupe 1% de l'effectif des bovins (NISDEL, 2004).

I.3. Notion de race

Selon Lauvie (2007), le terme "race" est largement utilisé par les scientifiques et différents acteurs de terrain. Les scientifiques peuvent l'aborder sous de multiples points, partant de la systématique à la zootechnie et à la génétique. D'après les biologistes et les zootechniciens, « la population animale n'est que le contenu de l'information génétique qu'elle recèle. Toutefois, elle peut être considérée comme un objet de pratiques collectives, de sélection et d'élevage qui modifie volontairement ou non son contenu » (Vissac, 1993). Partant, plusieurs concepts sur la notion de race ont été apportés par plusieurs auteurs :

Selon la définition de Leroy (Dejardin, 2003), qui rejoint d'une certaine manière celle retenue par les praticiens (Simon, 2011) bien avant l'apparition de la génétique, « la race

désigne une collection d'animaux résultant soit par isolement géographique, soit par sélection ou de la subdivision d'une même espèce et qui possède un certain nombre de caractères communs, lesquels sont transmis en bloc à leurs descendants ». Elle a cependant un certain support génétique (caractères mendéliens simples). L'ensemble de ces caractères raciaux qui intéressent soit la morphologie, soit la physiologie ou le comportement des individus sont donc héréditaires. La description détaillée de ces caractères externes typiques est donnée par le standard de race. La création des standards de race et des livres généalogiques permet d'inscrire sur des registres de filiation, les reproducteurs des deux sexes qui répondent bien à la norme (Dejardin, 2003). Par ailleurs, l'intérêt de cette notion est considérablement limité par la liaison existante entre de nombreux caractères de standard et ceux économiquement importants.

En outre, d'après Quittet (Dejardin, 2003), il ne faut pas entendre par « animaux appartenant à une race donnée », les spécimens inscrits au livre généalogique ; car ce serait une conception trop étroite que l'on peut adopter du fait de l'insuffisant développement des Herd-Books. Egalement, on peut considérer comme « animaux appartenant à une race donnée », tous les animaux présentant un certain degré de perfection à savoir les caractères de race. Néanmoins, il faudrait pouvoir préciser ce degré et procéder tête par tête à l'inventaire du cheptel. Selon cet auteur, il faut considérer comme appartenant à une race déterminée, tous les sujets qui par leurs caractères extérieurs s'y rattachent plus qu'à tout autre groupe zootechnique et qui ne portent pas la trace évidente d'un croisement récent (Dejardin, 2003).

Selon Simon (2011), la notion de race s'est trouvée renforcée par la notion de race pure : « groupes d'animaux que des conditions spéciales avaient contribué à préserver tant du croisement que des variations trop prononcées de la sélection ». Donc, dire qu'un animal est de "race pure" c'est de considérer d'une part, qu'il est issu de parents appartenant tous deux à une même race ; et d'autre part, qu'il est probablement homozygote pour les gènes qui déterminent les quelques caractères de standard à déterminisme génétique simple, mais rien de plus. Le terme "race pure" est en réalité employé par rapport à l'utilisation de reproducteurs appartenant à une même race : utilisation de reproducteurs « en race pure » ou d'élevage « en race pure » par opposition au cas où les reproducteurs appartiennent à des races différentes (utilisation en croisement).

Pour terminer, l'essence de ces notions s'appuie sur le partage de caractères héréditaires communs permettant ainsi de considérer la race comme étant : « une subdivision d'une espèce dont les individus ont en commun une part importante de leur génotype et dont l'expression phénotypique permet de la distinguer des autres races de la même espèce ».

I.4. Histoire évolutive de la famille des *Bovidae* (*Artiodactyla*, *Mammalia*)

Les bovins au sens strict sont les animaux du genre *Bos*, lequel a donné son nom à la famille des *Bovidae* (Gray, 1821) ou ruminants “carnivores”. Ils comprennent non seulement la sous-espèce taurine (*Bos taurus*, Linnaeus, 1758), mais aussi le zébu (*Bos taurus indicus*, Linnaeus, 1758), le yack (*Bos grunniens*, Linnaeus, 1766 – région tibéto-himalayenne), le gayal ou gaur (*Bos frontalis*, Lambert, 1804 – Inde et sud-est asiatique) et le bateng (*Bos javanicus*, d’Alton, 1823 – Inde et sud-est asiatique) (Guintard *et al.*, 2008).

Dans un sens plus large, ils peuvent désigner les animaux appartenant à la sous-famille des *Bovinae* (*Bovinae*, Gray, 1821). De façon restrictive, le mot bovin peut parfois ne désigner que les bœufs (*Bos taurus*) et exclure les buffles, les yacks, etc. La famille des *Bovidae* (*Cetartiodactyla*, *Mammalia*) est l’une des plus diversifiées des grands mammifères avec près de 140 espèces actuellement reconnues (Guintard *et al.*, 2008).

I.4.1. Systématique et phylogénie des *Bovidae* (*Artiodactyla*, *Mammalia*)

La taxonomie et la phylogénie des espèces Bovidés étaient initialement basées sur les caractères morphologiques partagés ou dérivés. Seulement, il y a plus d’un demi-siècle, la systématique des Bovidés était devenue extrêmement difficile à résoudre parce qu’il était le groupe le plus ennuyeux à classer. Grâce aux avancées des techniques et outils moléculaires, les analyses de séquençage et la bioinformatique ont joué récemment un rôle important quant à l’identification de différences entre groupes de *Bovidae* ainsi que la résolution de leurs phylogénies à différents niveaux de la hiérarchie taxonomique (MacEachern *et al.*, 2009 ; Arif *et al.*, 2012). Parmi les facteurs qui ont longtemps contribué à la confusion générale de la systématique des *Bovidae*, figurent, la convergence morphologique, la diffusion rapide (radiation) et la question monophylétique de ce groupe (Gatesy *et al.*, 1992).

I.4.1.1. Evolution phylétique des *Artiodactyles* (*Vertebrate*, *Mammalia*)

C’est au Crétacé, il y a environ 70 voire 75 millions d’années, que les Artiodactyles se seraient séparés d’un rameau commun avec les Cétacés et les Tubulidentés ; ce rameau se serait lui-même séparé de ceux des Périssodactyles et des Subongulés (Hyracoïdes, Proboscidiens et Siréniens) vers 90 millions d’années (Novacek, 1992). L’ordre zoologique des Artiodactyles, auquel appartient les bovins comprend : les Suiformes (porcs, hippopotame, pécaris) qui ont divergé des ruminants il y a environ 60 millions d’années ; les Tylopodes (chameaux, lamas), qui ont divergé des ruminants il y a environ 55 millions d’années et les Ruminants proprement dits, qui se distinguent des autres par la spécificité de leur système digestif. Au sein des ruminants évolués, se distingue l’infra-ordre des Pecora (qui comprend les familles des

Bovidae, *Cervidae*, *Antilocapridae*, *Moschidae* et *Giraffidae*), lequel a subi une radiation il y a environ 20 voire 25 millions d'années et qui constitue un groupe monophylétique. L'un des aspects les plus frappants de la phylogénie des mammifères émerge de la synthèse des analyses génétiques. C'est ainsi qu'une analyse des relations phylogénétiques de plusieurs mammifères en modèle parcimonie inférée des substitutions en premier, deuxième et troisième positions du codon des séquences du Cytochrome B (ADN mitochondrial), montre que les Artiodactyles et les Cétacés (baleines, marsouins, dauphins) possèdent un ancêtre commun dont ils ne partagent avec aucun autre groupe (Irwin *et al.*, 1991).

I.4.1.2. Evolution phylétique des *Bovidae* (*Artiodactyla*, *Mammalia*)

L'analyse phylogénétique déduite des séquences de gènes ribosomiaux (12S et 16S rRNA) montre que les *Bovidae* forment un groupe paraphylétique avec des relations intertribales non robustes, contrairement à la plupart des analyses dont les étapes évolutives supplémentaires sont invoquées pour satisfaire la monophylie des bovidés. En outre, plusieurs études moléculaires indépendantes ont également émis l'hypothèse de cette paraphylie des bovidés. Cela prouve que les gènes des ARNr (12S et 16S) mitochondriaux ne permettent pas de résoudre l'énigme de la diversité des tribus *Bovidae*, causée par leur radiation rapide (Gatesy *et al.*, 1992).

Résoudre la question de la monophylie des *Bovidae* a valu de lourdes tâches. Par conséquent, l'estimation du temps de divergence des différentes lignées *Bovidae* à partir des substitutions de type transversion (Tv), montre que le premier cladogénèse ayant survécu durant le Miocène inférieur datant environ 20 millions d'années a produit deux grands groupes des *Bovidae* : les *Bovinae* (*Bovini*, *Boselaphini* et *Tragelaphini*) et les *Antilopinae* (tous les autres tribus existantes) qui évoluent respectivement en Eurasie et Afrique. Ceci laisse suggérer que les *Bovinae* et les *Antilopinae* ont connu une radiation tribale contemporaine et rapide au Miocène moyen, donnant ainsi naissance à quatre lignées *Bovinae* (environ 12-14,3 millions d'années) et six lignées *Antilopinae* (13,6-15,3 millions d'années). Cette scission de la famille des *Bovidae* en deux principaux clades (bovins et non-bovins) a été démontrée par Arif *et al.* (2012) en étudiant l'information phylogénétique fournie par plusieurs gènes mitochondriaux individuels (12S rRNA, 16S rRNA, COI, Cyt-B et D-loop) par rapport à celle de l'ADN mitochondrial complet. Par ailleurs, les principales phases de l'évolution des *Bovidae* ont été mises en évidence par les comparaisons des séquences du Cytochrome B, et comme en témoignent les données paléontologiques qui révèlent que les différents groupes des Bovidés ont connu plusieurs migrations entre l'Afrique et l'Eurasie. Dès lors, la famille des *Bovidae*

s'avère être monophylétique avec deux grands clades : les *Bovinae* et les *Antilopinae*. Deux périodes contemporaines de cladogénèses semblent se produire durant le Miocène moyen donnant ainsi naissance à la plupart des tribus existantes, lesquelles ont subi une radiation ultérieure à la fin du Miocène/ Pliocène inférieure (Hassanin et Douzery, 1999).

I.4.1.3. Evolution phylétique des *Bovinae* et ses tribus (*Artiodactyla*, *Bovidae*)

Les données de fossiles suggèrent une origine commune sud-asiatique de la sous-famille des *Bovinae*. La tribu des mammifères *Bovini* (sous-famille des *Bovinae*, famille des *Bovidae*) détient les espèces domestiques les plus importantes au monde. Les différents processus de domestication de ces animaux sont parmi les plus significatifs progrès de la transition néolithique. Avec un système digestif spécialisé, ces espèces peuvent utiliser la cellulose comme source d'énergie générant des avantages pour la production de lait, viande et peaux (Lenstra et Bradley, 1999). La scission des *Bovinae* a engendré trois principales tribus (Tableau I). La première représente deux clades des *Bovini* et les deux autres ceux des *Boselaphini* et *Tragelaphini*. Les représentants de ces deux dernières tribus sont surtout chassés pour leur viande et peaux.

Tableau I: Résumé des représentants de la sous-famille des *Bovinae* (MacEachern et al., 2009).

Sous famille	<i>Bovinae</i>			
Tribus	<i>Tragelaphini</i>	<i>Boselaphini</i>	<i>Bovini</i>	
Sous tribus	–	–	Bubalina	Bovina
Représentants	Antilopes à cornes spiralés & Gnous (<i>Connochates gnou</i>)	<i>Tetracerus quadricornis</i> & <i>Boselaphus tragocamerus</i> (Nilgai)	Buffles (<i>Bubalus</i> & <i>Syncerus</i>)	Bœufs (<i>Bos</i> & <i>Bison</i>)

L'analyse des relations phylogénétiques de la tribu *Bovini* et l'évidence d'anciens polymorphismes inférés des séquences de gènes nucléaires en relation avec des QTL impliqués dans la production laitière (localisés sur les chromosomes 1, 2, 4 et 9) ont montré une association entre membres des sous-tribus *Bovinae* avec une forte divergence de la majorité des lignées. A cet effet, l'estimation des temps de divergence avec l'utilisation d'une horloge moléculaire relâchée (calibrée à partir des fossiles du Bison et du Yak, respectivement, 2 et 1,7 millions d'années), montre que les autres membres de la tribu *Bovini* ont divergé de *Bos taurus* il y a environ 2-3 millions d'années. La sous-tribu Bubalina a divergé de *Bos taurus*, il y a environ 5-9 millions d'années. Ces divergences s'harmonisent bien avec les reconstructions phylogénétiques déduites du model Kimura 2-paramètre et de l'algorithme de Neighbor-Joining en accord avec les p-distances, révélant ainsi une séparation des sous-tribus Bubalina et Bovina de même que les genres *Bubalus* et *Syncerus*. Le regroupement généré entre Yak, *Bison* et *Bos*

taurus peut expliquer la similitude observée entre le *Bison* d'Europe et *Bos taurus* (MacEachern *et al.*, 2009). Il a été déduit également selon d'autres études que *Bison* et *Bos* sont étroitement apparentés l'un à l'autre par rapport à *Bubalus*, comme l'ont confirmé les analyses morphologiques, paléontologiques et reproductives (Arif *et al.*, 2012). Selon MacEachern *et al.* (2009), la présence d'haplotypes identiques entre les autres représentants de la sous-tribu Bovina et les bovins domestiques pourrait résulter d'un ancien flux de gènes entre ces animaux avant que l'isolation reproductive n'ait eu lieu. Cependant, le degré de similarité détecté entre le Yak et les bovins domestiques sur l'ensemble des sites variables, aberrants et haplotypes, suggère qu'une hybridation serait survenue entre ces espèces (MacEachern *et al.*, 2009).

I.4.1.4. Evolution phylétique des sous-espèces taurine et zébu (*Bovidae, Bovinae*)

Bos taurus (Linnaeus, 1758) ou *Bos primigenius taurus* est le nom scientifique donné à l'ensemble des bovins domestiques de l'ancien monde issus des différentes sous-espèces de *Bos primigenius*, l'Aurochs sauvage. Ce dernier était un grand animal qui a vécu une fois en Afrique du Nord et en Eurasie, allant de l'Atlantique à la côte pacifique. Cependant, il s'est éteint en Europe depuis 1626 et par la suite dans d'autres continents. Deux sous-espèces principales existent : *Bos taurus* (taurins) et *Bos indicus* (zébus). Alors pour un zoologue, parler du bovin sous-entend évoquer un être appartenant au règne animal, à l'embranchement des Chordés, au sous-embranchement des Vertébrés, à la classe des Mammifères, à l'ordre des Artiodactyles, à la famille des *Bovidae*, à la sous-famille des *Bovinae*, au genre *Bos*, à l'espèce *taurus* et aux sous-espèces *Bos taurus taurus* et *Bos taurus indicus* (Linnaeus, 1758).

L'analyse du polymorphisme des séquences d'ADNmt et des microsatellites (Loftus *et al.*, 1994 ; MacHugh *et al.*, 1997) ont révélé que les ancêtres des taurins et zébus ont divergé il y a environ des centaines de milliers d'années et doivent donc résulter au moins de deux événements de domestication biologiquement indépendants. En d'autres termes, l'estimation des temps de divergence indique une séparation des deux lignées à peu près $2,0 \pm 0,14$ millions d'années (basée sur des séquences nucléotidiques) et $1,7 \pm 0,50$ millions d'années (basée sur des séquences d'acides aminés). Ces deux types de bovins sont actuellement classés en sous-espèces et se sont différenciés primitivement par la présence ou l'absence de bosse. D'ailleurs, ces deux espèces s'hybrident facilement en produisant entièrement une descendance fertile (Hiendleder *et al.*, 2008).

L'analyse effectuée sur l'ADN mitochondrial complet de ces deux sous-espèces montre que la séquence de *Bos taurus* A (ancienne référence) déterminée par Anderson *et al.* (1982) diffère de celle de *Bos taurus* H (nouvelle référence) de 11 positions nucléotidiques et celle de

Bos indicus H (nouvelle référence) de 237 nucléotides (Hiendleder *et al.*, 2008). Le nombre de substitutions non-synonymes chez ces dernières est assimilable à celui observé suivant les comparaisons interspécifiques des ADNmt de la souris et de l'homme, et qui représentent les points focaux dans leur généalogie. Compte tenu de ces occurrences, l'hypothèse selon laquelle les différences observées au niveau du génome mitochondrial entre *Bos taurus* et *Bos indicus* refléteraient celles observées sur leur phénotype, est soutenue (Hiendleder *et al.*, 2008).

I.4.2. Origine et domestication des bovins

Bos primigenius serait apparu au Pléistocène dans une région s'étendant du Turkestan à l'Inde et à l'Arabie. C'est dans la région des Siwalik en Inde que ses fossiles sont les plus nombreux. De là, il s'est répandu à la fin de la grande ère glaciaire, il y a 250 000 ans dans toute la région eurasiennne et en Afrique du Nord (Figure 6), tout en adoptant de nombreuses formes locales qu'il est possible de regrouper en deux types : l'indien *Bos primigenius namadicus* à l'origine du zébu et l'occidental *Bos primigenius primigenius* à l'origine des bovins domestiques. La forme africaine, *Bos primigenius opisthonomus/mauretanicus/africanus* est à rattacher à ce dernier rameau (Guintard *et al.*, 2008).

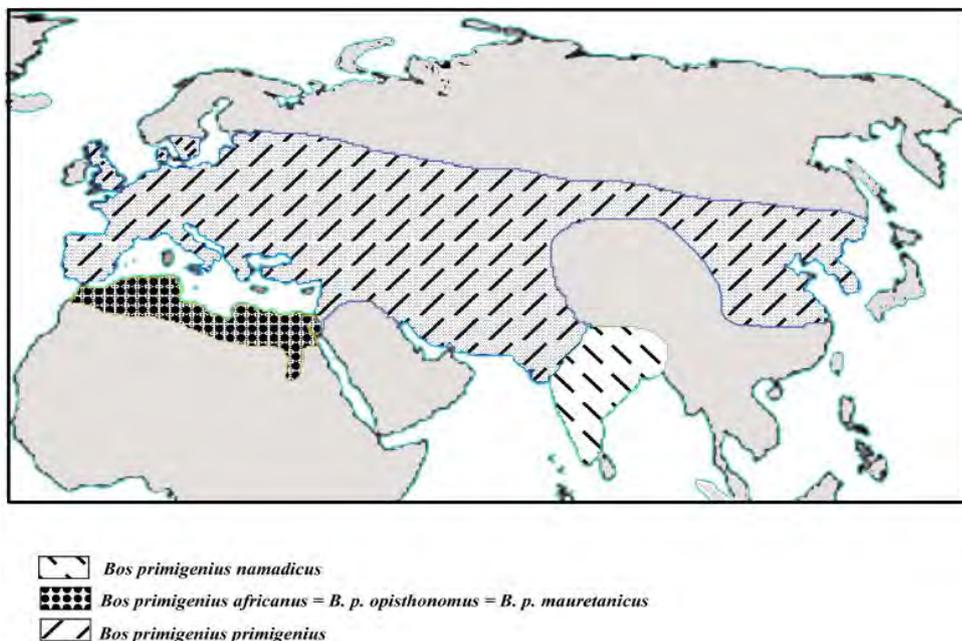


Figure 6: Distribution géographique des trois sous-espèces de l'aurochs, il y a 250 000 ans (d'après Van Vuure, 2005 In Guintard *et al.*, 2008).

La question relative à la domestication des bovins a valu d'innombrables études pour étayer l'hypothèse de plus d'une population ancestrale de l'aurochs ainsi que plus d'un centre

de domestication (Edwards *et al.*, 2007 ; Mona *et al.*, 2010). L'analyse des séquences de la région complète du D-loop et d'une de ces régions hypervariables de plusieurs races africaines, européennes et asiatiques, met en évidence deux lignées distinctes ; l'une regroupant les bovins africains (taurins et zébus) et européens (taurins) et l'autre uniquement les bovins asiatiques (zébus).

L'origine et l'histoire des bovins africains semblent être complexes car les races locales résultent souvent d'un contexte vaste de mouvements nomades, de migrations pastorales et d'introductions successives d'animaux asiatiques. En Afrique, les premières races de bovins indigènes sont exclusivement considérées comme des taurins. Ces populations taurines sont supposées émaner de migrations pastorales successives à partir du Proche-Orient (MacHugh *et al.*, 1997). Les récentes découvertes archéologiques suggèrent que la forme africaine de l'Aurochs (*Bos primigenius opisthonomus*) a été domestiquée indépendamment quelque part dans le continent Africain (Wendorf et Schild, 1994 ; MacHugh *et al.*, 1997). Cette suggestion semble se confirmer d'une part par les analyses de l'ADNmt qui révèle deux origines de domestication distincts entre les taurins africains et européens (Bradley *et al.*, 1996) ; et d'autre part, l'analyse des distances génétiques à partir de données de microsatellites indique que les pools de gènes des taurins africain et asiatique ont divergé il y a environ 150 000 voire 250 000 ans (MacHugh *et al.*, 1997). En outre, les zébus modernes africains seraient issus de croisements anciens entre les premiers zébus introduits dans ce continent (par l'intermédiaire du commerce et des migrations entre le Croissant Fertile et le sous-continent Indien) et les populations taurines indigènes (Loftus, 1992 ; Bradley *et al.*, 1994). De là, ils se sont répandus à travers les migrations arabes vers le nord et l'est de l'Afrique (Esptein, 1971). D'après MacHugh *et al.* (1997), l'haplotype du chromosome Y du zébu a pu atteindre des fréquences élevées chez les races classées comme taurines pures. Par ailleurs, l'analyse des loci microsatellites chez des races de zébus africains dont zébu Gobra et zébu Maure (Sénégal), de zébus asiatiques, de taurins africains dont la race N'Dama (Sénégal, Gambie, Guinée Bissau et Guinée) et de taurins européens, a révélé l'introgession génétique de zébus africains dans les populations taurines ouest africaines par la présence d'allèles diagnostiques de zébu. La fréquence de ces allèles spécifiques de zébu dans les populations taurines suit un gradient décroissant du nord vers le sud de l'Afrique de l'Ouest (MacHugh *et al.*, 1997).

I.5. Méthodes de caractérisation phénotypique et moléculaire des races animales

I.5.1. Méthodes de caractérisation phénotypique

La caractérisation phénotypique des ressources génétiques animales utilise comme outils d'investigation des fiches d'enquête permettant l'inventaire des différents types de bovins, leur description qualitative et quantitative ainsi que la description de leurs environnements de production.

I.5.1.1. Enquêtes

Les enquêtes sont effectuées afin de collecter de façon systématique des données nécessaires sur les animaux et leur environnement de production permettant ainsi d'identifier et de discriminer les races bovines. L'ensemble des données recueillies sur les races animales concerne en général : la distribution géographique, les observations phénotypiques, les traits génétiques de production et de reproduction, l'utilisation des animaux ainsi que les caractéristiques des environnements de production (Traoré, 2010).

Les données retenues sur les animaux procurent plusieurs catégories de variables entre autres, les informations de base, les descripteurs phénotypiques et les traits d'importance économique. La plupart de ces informations sont stockées dans des bases de données à l'échelle nationale, régionale ou mondiale (Traoré, 2010).

I.5.1.2. Description phénotypique

La description des races animales utilise des descripteurs définis par la FAO (2012) pour la caractérisation phénotypique des bovins. Cette méthode est largement utilisée dans les études de caractérisation morphologique des ressources zoogénétiques animales (Sokouri *et al.*, 2007 ; N'Goran *et al.*, 2008 ; Coyral-Castel *et al.*, 2009). Les observations phénotypiques les plus couramment décrites sont : la présence ou l'absence de bosse thoracique ainsi que sa taille et sa forme ; couleurs de la robe, de la peau, du museau, des paupières, des cornes et des sabots ; le profil de la tête ; la présence ou l'absence des cornes ; l'orientation des cornes ; la forme des yeux, des cornes et des oreilles ; le port des oreilles ; le développement du fanon, la taille de la queue ; les patrons pigmentaires. A cela s'ajoutent le sexe, la note d'état corporel et l'âge de l'animal, etc.

Par ailleurs, l'appréciation des performances des vaches en élevage utilise différents descripteurs des aptitudes laitières. Parmi les caractères liés à la production laitière d'après N'Goran *et al.* (2008), on distingue : la production moyenne de lait par jour, l'intervalle vêlage-vêlage, la durée de lactation, l'âge au premier vêlage, le nombre de lactations. D'après Banik

et Gandhi (2010), la meilleure manière d’apprécier la valeur génétique en élevage est d’évaluer ces traits génétiques transmis par les ascendants femelles à leur progéniture. Par conséquent, l’évaluation des performances de reproduction et de production utilise la procédure du “general linear model” (GLM) afin d’estimer les effets de diverses sources génétiques et environnementales sur la variation des traits d’importance économique (Flores *et al.*, 2007 ; Badri *et al.*, 2011 ; Khodaei Motlagh *et al.*, 2013). Ce modèle linéaire généralisé est utilisé pour analyser les effets des variables indépendantes sur les variables dépendantes :

$$Y_{ij} = \mu + F_i + E_{ij}$$

Y_{ij} = variables dépendantes (production laitière journalière, intervalle vêlage-vêlage, durée de lactation, âge au premier vêlage, ect.) ;

μ = moyenne de la population ;

F_i = effet de l’ⁱ^{ème} variable indépendante fixe (année de naissance, année et mois de vêlage, âge au vêlage, saison de vêlage, parité de vêlage, saison de lactation, stade de lactation, etc.) ;

E_{ij} = erreur aléatoire associée à l’observation **Y_{ij}**.

Ces modèles considèrent comme facteurs environnementaux fixes, les paramètres suivants: année de naissance, année et mois de vêlage, saison de vêlage, âge au vêlage, parité de vêlage, saison de lactation, stade de lactation ; et comme traits génétiques d’importance économique : production laitière par jour, durée de lactation, âge au premier vêlage, intervalle vêlage-vêlage (Morammazi *et al.*, 2007 ; Banik and Gandhi, 2010 ; Badri *et al.*, 2011 ; Khodaei Motlagh *et al.*, 2013).

1.5.2. Méthodes de caractérisation moléculaire

La caractérisation génétique des ressources animales est un processus qui utilise différentes techniques (PCR, électrophorèse, séquençage etc.) et outils moléculaires permettant l’identification des sous-espèces d’animaux d’élevage, l’inférence des relations phylogénétiques, l’évaluation de la diversité et de la structure génétique des populations. Les marqueurs moléculaires sont des outils de caractérisation pouvant fournir des informations fiables pour le renforcement des stratégies de gestion des ressources zoogénétiques animales en vue de leur amélioration et conservation à long terme. En effet, la caractérisation regroupe tous les niveaux de la diversité génétique selon le marqueur utilisé et ses caractéristiques.

I.5.2.1. Marqueurs moléculaires

Le concept de marqueurs génétiques remonte au XIX^{ième} siècle avec l'expérience de Gregor Mendel sur l'utilisation de marqueurs phénotypiques. Un marqueur génétique est simplement une portion d'ADN (acide désoxyribo-nucléique) de l'organisme étudié, ou un sous-produit codé par cet ADN (comme une protéine). Cette portion d'ADN doit rester la même (même localisation dans le génome, à la même place sur le même chromosome) d'un individu à l'autre, d'où le terme locus (De Meeûs, 2012). Un marqueur génétique est en effet un caractère mesurable qui peut détecter une variation dans la séquence soit protéique, soit nucléique. Une différence, phénotypique ou génotypique, peut se comporter comme un marqueur génétique si elle identifie des caractéristiques du génotype d'un individu, et si sa transmission héréditaire peut être suivie au cours de générations successives (de Vicente et Fulton, 2003). Un locus peut correspondre à un gène (codant pour une fonction quelconque), comme c'est le cas pour les loci enzymatiques (ou iso-enzymatiques), mais il peut aussi correspondre à une zone non codante, et donc à priori non fonctionnelle, de l'ADN comme c'est le cas de la plupart des microsatellites. Il est important de mentionner dans ce cas qu'un locus, même non codant, peut se trouver dans un intron, c'est-à-dire dans un gène, et peut donc subir des phénomènes sélectifs par sa liaison physique avec les parties traduites du gène. On appelle ce phénomène d'auto-stop (ou *hitchhiking* en anglais). Cela reste valable pour un locus situé en dehors de tout gène, mais à proximité d'un locus sélectionné ou simplement parce que le régime de reproduction de l'organisme étudié limite ou empêche la recombinaison entre loci (De Meeûs, 2012). Dans une analyse de génétique des populations naturelles, plusieurs loci de nature identique peuvent être considérées : microsatellites ou iso-enzymes. Il n'y a pas de limite supérieure au nombre de loci qu'il faut utiliser, mais l'expérience tend à suggérer que cinq est vraiment une limite inférieure qu'il est plus sage d'éviter quand on peut et que sept commence à représenter un bon chiffre. Pour être informatif, un locus doit être variable (on dit polymorphe), c'est-à-dire qu'il présente plusieurs allèles dans le groupe d'individus échantillonnés et génotypés à ce locus (De Meeûs, 2012).

I.5.2.2. Polymorphisme génétique des loci microsatellites : distribution génomique, fonctions putatives et mécanismes mutationnels

Les microsatellites ou séquences de répétitions simples (SSR) en tandem d'un motif de 1 à 6 nucléotides ont été détectés dans les génomes de tous les organismes analysés jusqu'ici (Toth *et al.*, 2000 ; Li *et al.*, 2002). Leurs taux de mutation sont souvent très élevés et, en conséquence, leur polymorphisme en populations naturelles est lui aussi élevé en général (10^{-3} ,

10^{-4}) (De Meeûs, 2012). Les loci microsatellites sont considérés comme étant en général très polymorphes, codominants, abondants dans (presque) tous les génomes et relativement aisés à manipuler. Ce polymorphisme correspond à une variation dans le nombre de copies du motif de base. Par exemple (AC) n , où n représente le nombre de répétitions, si on a $n = 5, 6$ ou 10 , on a 3 allèles. Par ailleurs, ce sont souvent des séquences non codantes, sauf peut être les trinuécléotides qui correspondent potentiellement à des codons répétés. Or le polymorphisme de séquences non codantes a toutes les chances d'être neutre, sauf si le microsatellite en question se trouve par malchance à proximité d'un gène, ou dans un gène (intron) ayant subi un événement récent de sélection. L'avantage des microsatellites est qu'ils correspondent à des séquences relativement courtes d'ADN et par conséquent peuvent être amplifiés par PCR dans n'importe quelle (mauvaise) condition (en principe). L'amplification par PCR nécessite la connaissance des deux séquences flanquantes du locus où sont choisies les deux séquences complémentaires des amorces (ou *primers* en anglais).

Le tableau II présente la fréquence des principales séries de microsatellites chez les mammifères (Schibler *et al.*, 2000). Les motifs (CA) n / (GT) n représentent le nombre de répétitions de microsatellites les plus courantes chez le génome des mammifères et dépassés en nombre uniquement par les monomères poly (A)/(T). Le nombre de copies chez les mammifères estime ces répétitions dans l'intervalle 30 000 (bovins) – 100 000 (souris). L'analyse d'un grand nombre de clones de cosmides humains et de données de séquences a donné une moyenne d'une répétition de (CA) n / (GT) n par 30 kb chez l'ADN humain. Le processus qui mène à la formation des microsatellites est encore inconnue. Toutefois, on suggère que les microsatellites ont émergé de séquences énigmatiques simples et sont plus fréquents dans le génome que prévus par hasard. Egalement, les substitutions sont supposées être à l'origine des différents microsatellites dans les diverses lignées des primates. Une substitution a conduit au tétranucléotide répété (ATGT) $_2$ à partir de la séquence de base ATGTGTGT, lequel s'est élargi à (ATGT) $_5$ dans une lignée. Pareillement, une autre substitution a créé (GT) $_5$, lequel s'est étendu par une répétition dans une lignée. Les extrémités 3' de plusieurs familles de «Short InterSpersed Nucleotide Element» (SINE) contiennent un microsatellite polymorphe, par exemple l'*Alus* chez l'homme, le PRE-1 chez les porcins et la Bov-tA chez les ruminants. Ces derniers ont été proposés comme candidats à l'origine des microsatellites (Kostia, 2000).

Tableau II: Fréquence des principaux types de microsatellites chez les mammifères (Schibler et al., 2000).

Série (taille du motif)	Séquence du motif	Fréquence	Remarque
Mononucléotide	(A) _n	un tous les 5-10 kb	0,3 % du génome
Dinucléotide	(CA) _n	un tous les 2-100 kb	0,5 % du génome
	(TC) _n	un tous les 50 kb	0,2 % du génome
Trinucléotide	(TTA) _n	un tous les 300-500 kb	—
	(AGC) _n		
Tétranucléotide	(AATC) _n , (AATG) _n ,	—	Dérive des séquences poly (A) des familles Alu
	(ACAG) _n , (AAAT) _n ,		
	(AAAG) _n		

➤ Distribution non aléatoire des SSR au niveau intra et inter-génomique

Les SSR constituent une assez grande fraction de l'ADN non codant et sont relativement rares dans les régions codantes pour des protéines. Tous les types de SSR (de mono - à hexanucléotide) sont trouvés en excès (comparé à l'apparence aléatoire) dans les régions génomiques non codantes chez sept clades d'eucaryotes : *Saccharomyces cerevisiae*, *Caenorhabditis elegans*, *Scizosaccharomyces pombe*, *Mus*, *Drosophila*, les plantes et les primates (Li et al., 2002).

La majorité des SSR (48-67%) trouvés parmi tant d'espèces sont des dinucléotides, cependant les mononucléotides observés chez les primates (principalement des régions poly (A/T) constituent les classes les plus abondantes des SSRs. Contrairement aux triplets de SSR, les di - et tétranucléotides sont beaucoup moins fréquentes dans les régions codantes que les celles non codantes. Bon nombre de gènes a été trouvé avec des SSR dinucléotides dans les régions 5' et 3' non traduits, par exemple les cinq gènes d'*Ictalurus punctatus* et les gènes codant pour la protéine 70 du choc thermique (hsp 70) chez les mammifères (régions [(CA)₆ CAG(TC)₂₄]). Les dinucléotides SSR se rencontrent aussi dans les introns. En guise d'exemple, chez *Mus musculus*, l'intron A du gène *Adh-1* contient (TA)₁₄, (TG)₁₈, et (TA)₁₉, et l'intron du gène IL-5 renferme (AT)₁₇. Le potentiel d'expansion de la taille des SSRs di- ou tétranucléotides au niveau des régions 5' et 3', et des introns pourrait conduire à une disruption de la protéine originale et/ou la formation de nouveaux gènes par modification du cadre de lecture. Ces modèles suggèrent ainsi que les distributions aléatoires de telles SSRs di- et tétranucléotides sont fortement contre sélectionnés. Pour un nombre de répétitions donné, un locus tétranucléotide est plus long qu'un dinucléotide. Cela peut affecter la pression de sélection si la stabilité des processus méiotiques dépend de la taille absolue (en paires de bases) de la région ciblée. Les loci avec de longues unités de répétitions semblent éprouver une sélection

plus forte que la différence en taille principalement dans les régions du génome à haut taux de recombinaison (Li *et al.*, 2002).

Ces résultats suggèrent que les différences entre les fréquences des SSRs dans les régions codantes et non codantes proviennent de la sélection spécifique contre les mutations du cadre de lecture dans les régions non codantes résultant des changements de longueur dans les répétitions des non triplets. Toutefois, 14% de l'ensemble des protéines contiennent des séquences répétées avec une abondance de répétitions trois fois plus grande chez les eucaryotes par rapport aux procaryotes. Les familles de répétitions chez les eucaryotes et les procaryotes sont groupées en des protéines non homologues. Ceci nous indique que les séquences répétées ont émergé suite à la séparation de ces deux règnes. Les eucaryotes qui incorporent plus de répétitions ont plus d'avantage évolutif pour s'adapter aux nouveaux environnements (Li *et al.*, 2002).

➤ Fonctions putatives des marqueurs SSR

Bien que les SSR soient généralement considérés comme des marqueurs d'ADN évolutivement neutres, la signification fonctionnelle d'une partie substantielle de ces ADN microsatellites a été prouvée par des tests critiques de divers phénomènes biologiques : organisation de la chromatine, régulation des processus métaboliques de l'ADN et la régulation de l'activité des gènes (Figure 7) (Li *et al.*, 2002).

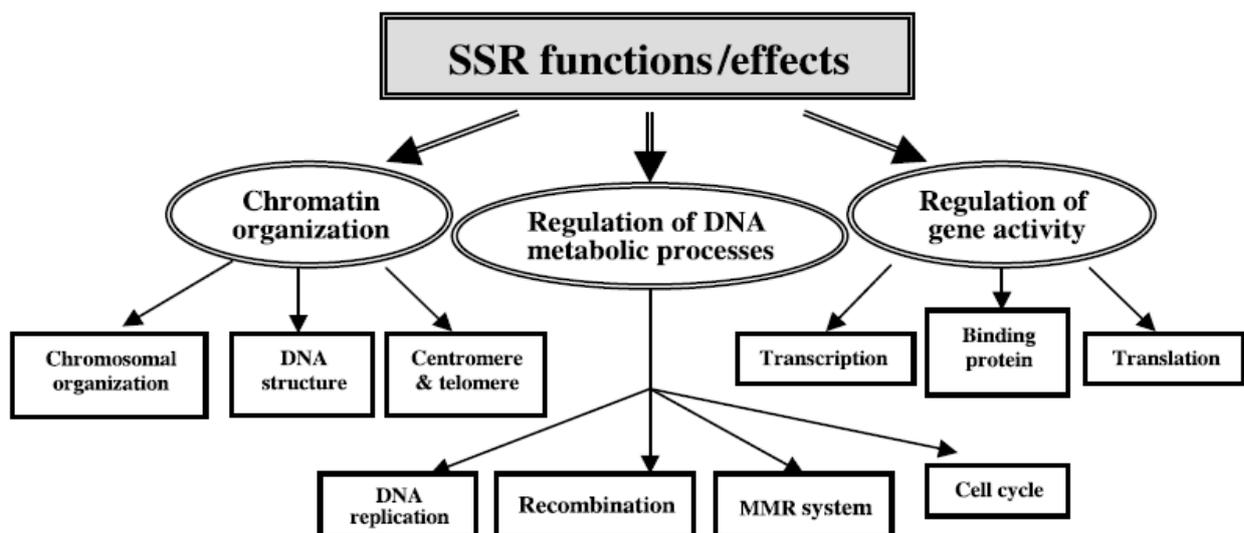


Figure 7: Effets/ fonctions putatifs des SSR (Li *et al.*, 2000).

➤ Mécanismes mutationnels des marqueurs SSR

L'abondance des SSR génomiques et ses divers effets et fonctions (soit présumés ou établis de manière fiable) sont associés à son taux de mutation du fait que les taux de mutation des SSR (10^{-2} - 10^{-6} changements pas locus et par génération) sont très élevés, relativement aux taux de mutations ponctuelles dans les gènes codants. Quoique les processus de mutations semblent montrer des différences parmi les espèces, les types de répétitions, les loci et les allèles, l'âge et le sexe ; l'instabilité se manifeste essentiellement par des variations du nombre de répétitions des séquences SSRs. Deux mécanismes mutationnels peuvent être invoqués pour expliquer ces taux de mutations élevés. Le premier implique le glissement des brins d'ADN au cours de la réplication de l'ADN en phase S du cycle, tandis que le second est impliqué dans le processus de recombinaison entre les deux brins d'ADN. Les efficacités de ces deux mécanismes peuvent putativement dépendre des conditions environnementales. Divers facteurs affectant le taux de mutations ont été trouvés au niveau des loci SSRs, ainsi on distingue : le motif répété, la taille des allèles, la position chromosomique, la teneur en GC dans les régions flanquantes, la division cellulaire (mitose et méiose), le sexe et le génotype (par exemple mutations dans les gènes MMR, modulators of evolutionary mutation rate) (Li *et al.*, 2002).

I.5.2.3. Moyens d'étude de l'ADN

La caractérisation moléculaire est une procédure qui requiert en plus des marqueurs moléculaires, différentes techniques (PCR, électrophorèse sur gel d'agarose ou d'acrylamide, etc.) permettant de mettre en exergue le polymorphisme des ADN microsatellites nucléaires afin d'évaluer la diversité et la structure génétique des populations naturelles.

➤ Réaction de Polymérisation en Chaîne (PCR)

La "Polymerase Chain Reaction" (PCR) est une technique biochimique et moléculaire qui permet d'amplifier de manière spécifique un fragment d'ADN par une enzyme thermo-résistante : la Taq Polymérase. Elle s'agit d'une réplication *in vitro* d'une seule ou de plusieurs copies d'un segment d'ADN pour générer des dizaines de milliards d'exemplaires de la séquence d'intérêt.

Pour réaliser la réplication de l'ADN, la réaction doit comprendre : des oligonucléotides ou amorces (forward et reverse) complémentaires des extrémités du fragment d'ADN à amplifier, des désoxynucléotides triphosphates (dNTP's), du $MgCl_2$ qui donne un pH et une concentration saline optimale pour le bon fonctionnement de la Taq Polymérase. L'amplification d'un segment d'ADN est obtenue après une répétition de n cycles. Un cycle

comprend trois phases : une dénaturation de l'ADN double brin à 94°C, une hybridation spécifique des amorces entre 50 et 60°C et enfin une élongation du brin complémentaire à 72°C.

Les produits PCR ou amplicons sont révélés par une électrophorèse sur gel d'agarose ou d'acrylamide contenant de colorants spécifiques d'ADN comme le bromure d'éthidium (BET) qui est mis en évidence sous les rayons UV. La migration électrophorétique par capillarité est aujourd'hui très répandue grâce aux systèmes automatiques (séquenceurs) qui permettent de détecter des fragments via des lasers de longueurs d'ondes différentes.

➤ L'électrophorèse

L'électrophorèse est une technique séparative utilisée le plus souvent dans un but analytique mais également parfois pour purifier des molécules solubles. Le principe consiste à soumettre un mélange de molécules à un champ électrique, ce qui entraîne la migration des molécules chargées. En fonction de différents paramètres (charge, masse, forme, nature du support, conditions physico-chimiques), la vitesse de migration va être variable ; ce qui permet la séparation des différentes molécules.

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

Conclusion partielle

Après ce premier chapitre de synthèse bibliographique, nous pouvons apprécier l'efficacité et la fiabilité qu'attestent ces méthodes de caractérisation phénotypique et moléculaire dans la description et l'identification des races bovines, l'évaluation des performances de production et de reproduction, ainsi que l'estimation de la diversité et structure génétique des populations grâce aux caractères phénotypiques et marqueurs moléculaires réputés dans la caractérisation des animaux d'élevage.

**Chapitre II : Caractérisation phénotypique des
races bovines locales du Sénégal**

Introduction

L'approvisionnement de la population sénégalaise en lait et produits laitiers constitue l'un des challenges majeurs de développement pour l'atteinte à l'autosuffisance alimentaire en matière de productions animales. La production nationale de lait, tous systèmes de production compris, estimée à 180 millions de litres en 2010, reste toujours en dessous de la barre visée par les pouvoirs publics (environ 400 millions de litres). Cette situation a favorisé une hausse considérable des importations qui ont atteint en 2010 un volume de 42 081 tonnes, soit 61% de la consommation nationale pour une facture laitière de 59 milliards de francs CFA (PNDE, 2011). L'une des principales contraintes associées est la faible potentialité de production des races bovines locales dont le rendement laitier journalier avoisine les 2 à 3 litres chez N'Dama (FAO, 1997), 1,5 à 2 litres chez zébu Gobra (Cissé, 1992) et 4 à 5 litres chez zébu Maure (Kane, 1995).

En vue d'atteindre l'autosuffisance alimentaire au Sénégal, de nombreux programmes d'intensification de la production laitière par la biotechnologie de l'insémination artificielle ont été développés dans le Bassin Arachidier, la zone sylvopastorale (Kouamo *et al.*, 2009), la zone des Niayes et la Haute Casamance (Diop *et al.*, 1993). Ces opérations d'amélioration du potentiel génétique des vaches locales se traduisent par des croisements génétiques indiscriminés entre races locales et exotiques générant ainsi des types améliorés plus connus sous l'appellation de "métis" (Ndiaye *et al.*, 2012). Ces types génétiques se sont aujourd'hui répandus dans les différentes zones d'élevage du Sénégal au point que la structure génétique des races locales apparaît très confuse. En outre, les agro-éleveurs de la zone de transition entre la race zébu Gobra et la race N'Dama ont tendance à hybrider intensément leurs taurins de taille modeste par les zébus de plus grande taille venant du nord, d'une part pour la production de viande ; et d'autre part la fourniture d'animaux pour la traction bovine (ISRA, 2003). Les accouplements incontrôlés peuvent en effet favoriser l'introgression de gènes de sensibilité à la trypanosomose animale dans le patrimoine génétique des races taurines. La perte d'une telle spécificité biologique dans une zone d'élevage fortement infestée par les glossines peut avoir une incidence sur la productivité des élevages (Hoste, 1992 ; Sokouri *et al.*, 2010) ainsi que sur l'adaptabilité des bovins face aux changements climatiques (Boettcher, 2015). Si aujourd'hui, les effectifs impliqués sont faibles, la diffusion incontrôlée de gènes exotiques peut à long terme entraîner une dilution du germoplasme de ces races locales qui aura une incidence non seulement sur leur aptitude à la reproduction mais aussi sur la conservation de la biodiversité de l'espèce bovine.

Dans un tel contexte, la caractérisation des races bovines sur le plan phénotypique et zootechnique est indispensable dans l'objectif de revaloriser ces populations dans leurs environnements de production respectifs car les paramètres zootechniques de reproduction et de production sont primordiaux à toute stratégie d'amélioration de la productivité numérique et/ou pondérale (Khang'maté *et al.*, 2000 ; Sokouri *et al.*, 2010). Le renforcement de la productivité des bovins locaux exige particulièrement une caractérisation zootechnique pour identifier les performances de reproduction et de production à améliorer (Youssao *et al.*, 2009 ; Sokouri *et al.*, 2010). Devant une telle perspective, cette étude de caractérisation phénotypique est effectuée afin :

- d'inventorier les différentes races bovines locales élevées au Sénégal ;
- d'effectuer une description phénotypique des animaux afin de mettre en évidence les caractères discriminatifs ;
- de déterminer les effets des facteurs environnementaux fixes sur les traits d'importance économique des vaches.

II.1. Matériel et méthodes

II.1.1. Sites d'étude

La première étape des investigations a été accomplie en fin de saison des pluies (mois d'octobre) dans la région Kaolack située dans le Sud du Bassin Arachidier (Figure 8) sur des animaux des races Djakoré, zébu Gobra et zébu Maure. Les entrevues ont été effectuées dans des exploitations traditionnelles et moderne situées dans six localités.

La deuxième étape des enquêtes a été faite en début de saison sèche (mois de novembre) dans la région de Saint-Louis localisée dans la zone agro-écologique de la Vallée du fleuve Sénégal (Figure 8) sur les races zébu Gobra et zébu Maure. Les interviews ont été effectuées dans des exploitations traditionnelles situées dans 5 localités.

Enfin, la troisième étape des investigations a été accomplie en début de saison sèche (mois de décembre) dans la région agro-pastorale de Kolda localisée dans la zone du Sénégal Oriental/Haute Casamance (Figure 8) sur des animaux de la race N'Dama. Les localités de Gadapara, Cité Régionale, Marawata Baya, Veliyadembel et le Centre de Recherches Zootechniques de Kolda (CRZ de Kolda) ont été les sites d'enquêtes. Ces différentes localités sont réparties dans trois régions administratives et zones agro-écologiques du Sénégal.

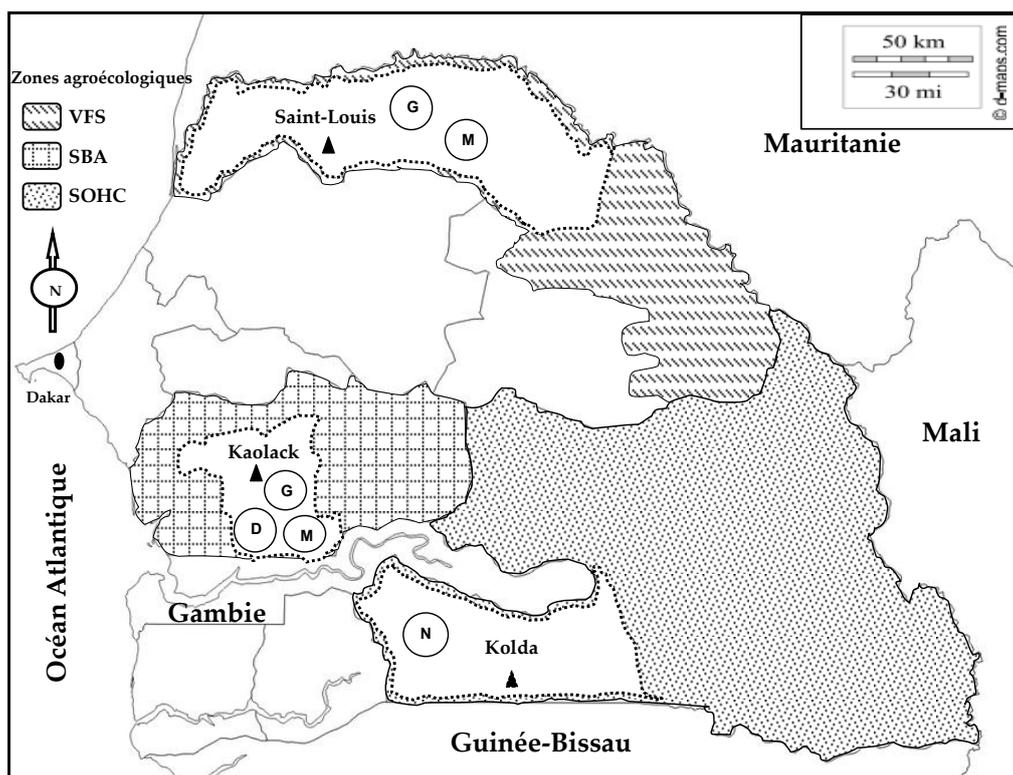


Figure 8: Localisation des sites d'étude dans les zones agro-écologiques de la Vallée du fleuve Sénégal (VFS), du Sud du Bassin Arachidier (SBA) et du Sénégal Oriental/Haute Casamance (SOHC) (modifiée de d-maps.com, 2014). Abréviations des noms des différentes races : D : Djakoré ; G : zébu Gobra ; M : zébu Maure et N : N'Dama.

II.1.1.1. Vallée du Fleuve Sénégal (VFS) et la région de Saint-Louis

➤ Vallée du Fleuve Sénégal

Elle couvre l'extrême nord et l'est du territoire. Du fait de sa proximité avec le fleuve Sénégal, des cultures irriguées, de décrue et industrielles y sont pratiquées. Cette zone appartient au domaine climatique sahélien qui s'inscrit entre les isohyètes 100 et 500 mm et se caractérise par la faiblesse de ses précipitations. Celles-ci sont liées à la présence de la mousson pendant 3 à 4 mois. Le rythme pluviométrique est unimodal avec un maximum en août.

Principal système de production des races zébu Gobra et zébu Maure, cette zone est caractérisée par la transhumance du bétail de part et d'autre du fleuve Sénégal en provenance du sud de la Mauritanie pendant la saison des pluies. Les échanges génétiques entre troupeaux sont favorisés par les mouvements du bétail à la recherche de pâture et points d'eau le long des parcours naturels.

➤ **Région de Saint-Louis**

Localisée dans la partie nord du Sénégal, la région de Saint-Louis est située entre 16°02'00'' de latitude nord et 16°30'00'' de longitude ouest. Région stratégique du Sénégal, elle est limitée au nord par le fleuve Sénégal qui le sépare de la Mauritanie, au sud par la région de Louga, à l'est par la région de Matam et à l'ouest par l'Océan Atlantique.

Incrustée dans la zone sahélienne, la région est affectée par un climat subtropical de type façade orientale, une température moyenne annuelle de 25°C et une pluviométrie moyenne de 346 mm. La région dispose de ressources en eau abondante constituées par des eaux de surface (le fleuve Sénégal et ses défluent, le lac de Guiers, de nombreux marigots et mares temporaires) et des eaux souterraines (nappes phréatiques). L'agriculture irriguée est très développée dans la région avec principalement la culture du riz qui occupe 80% des superficies cultivées. Du moment qu'elle abrite une grande partie de la zone sylvopastorale, la région développe un élevage de type pastoral avec une grande mobilisation du cheptel bovin et des petits ruminants.

II.1.1.2. Sud Bassin Arachidier (SBA) et la région de Kaolack

➤ **Sud Bassin Arachidier**

Cette zone appartient au domaine nord-soudanien qui est balayé pendant 7 à 8 mois par la mousson atlantique et 4 à 5 mois par l'harmattan. Elle enregistre des précipitations comprises entre 500 et 1000 mm. Les ressources en eau de surface sont constituées par les fleuves Sine et Saloum. Comme l'indique sa dénomination, le Bassin Arachidier correspond à la zone où domine la culture arachidière.

Située entre les limites de répartition géographique des races zébu Gobra et N'Dama, le Bassin Arachidier constitue la principale zone d'élevage de la race Djakoré et fut depuis 1995 à nos jours, le foyer de programmes d'insémination artificielle. Par conséquent, des croisements génétiques indiscriminés sont pratiqués dans cette région entre les races locales (Djakoré, zébu Gobra) et celles exotiques d'origine européenne ou brésilienne (Holstein, Montbéliarde, Normande, Brune, Girolando...).

➤ **Région de Kaolack**

Figée au cœur du Bassin Arachidier, la région de Kaolack est située entre 14°08'35'' de latitude nord et 16°05'45'' de longitude ouest et à la limite des zones sahélienne sud et soudanienne nord. Elle est limitée au nord et à l'ouest par la région de Fatick, à l'est par la nouvelle région de Kaffrine, au nord-est par la région de Diourbel et au sud par la République de Gambie.

De type soudano-sahélien, le climat de la région se caractérise par des températures moyennes élevées d'avril à juillet (15°-18°C à 35°- 40°C), d'une saison sèche de novembre à juin/juillet (8 à 9 mois) et d'une courte saison des pluies (juin/juillet à octobre). Les précipitations se situent en moyenne entre 800 et 900 mm par an. Le relief hydrographique est composé d'eaux de surface : le fleuve Saloum et les deux affluents du fleuve Gambie (Baobolong et Miniminiyang Bolong) et des eaux souterraines. Par ailleurs, l'agriculture est la principale activité et occupe 75% de la population qui s'adonnent aux cultures de l'arachide, de pastèques, du niébé, des mil sounas, du sorgho, du maïs, du sésame, du riz, du fonio et des cultures maraîchères. Les cultures industrielles ou de rente sont dominées par l'arachide malgré les difficultés de la filière. L'élevage extensif et semi-intensif est constitué de bovins, d'ovins, de caprins, d'équins, de porcins et de volailles. Néanmoins, l'embouche bovine et l'aviculture s'y développent bien.

II.1.1.3. Sénégal Oriental/Haute Casamance (SOHC) et la région de Kolda

➤ Haute Casamance

C'est la partie la plus arrosée du Sénégal et bénéficie d'une pluviométrie supérieure à 700 mm sécurisant les productions. Elle renferme d'importantes ressources naturelles (sols, cours d'eau, flore, faune) réparties cependant de façon très irrégulière. Les terres agricoles disponibles sont encore faiblement utilisées et les réserves forestières sont les plus importantes du pays.

Zone à forte pression glossinaire, l'élevage d'un cheptel trypanotolérant (taurin N'Dama) y prévaut. Comme la Gambie dispose de ressources hydriques supérieures à celles de la Haute Casamance, des mouvements du bétail sont signalés à ce niveau et le flux des échanges génétiques entre populations y est très accentué.

➤ Région de Kolda

La région de Kolda est entre 13°01'60'' de latitude nord et 14°52'00'' de longitude ouest et couvre la Haute Casamance. Incrustée dans la Casamance naturelle, elle est limitée au nord par la République de Gambie, au sud par la Guinée Bissau et la République de Guinée, à l'est par la région de Tambacounda et à l'ouest par la région de Ziguinchor.

Caractérisée par un climat de type soudano-guinéen, la région de Kolda enrégistre des précipitations moyennes variant entre 700 et 1300 mm et des températures moyennes basses fluctuant entre 25 à 30°C. Le réseau hydrographique est dense et se compose d'un cours d'eau principal, la Casamance et ses affluents. La région de Kolda est une zone à vocation agropastorale. L'agriculture constitue dans cette région, la principale source de revenus en même temps qu'il joue un rôle prépondérant dans l'alimentation des populations. L'élevage, la

deuxième grande activité de ladite région est un moyen de survie au quotidien pour la plupart des populations rurales. Le cheptel bovin est essentiellement constitué des races N'Dama et Djakoré. Dotée d'un cheptel important constitué de bovins, ovins, caprins et volailles, la région de Kolda occupe le rang de deuxième région d'élevage du pays après la zone sylvopasorale.

II.1.2. Population d'étude

La population d'étude est constituée de quatre types phénotypiques (zébu Gobra, zébu Maure, N'Dama et Djakoré) dont les critères morpho-biométriques et géographiques, leur origine (zébu versus taurin), leur histoire (échanges de reproducteurs supposés limités auparavant) et leur utilisation dans des environnements et des systèmes d'élevage différents ont permis de les distinguer en races. Dans cette partie de la caractérisation phénotypique, les 4 types phénotypiques (zébu Gobra, zébu Maure, Djakoré et N'Dama) font référence à la race. Les figures 9, 10, 11, 12 et 13 présentent les spécimens des différentes races bovines locales :



Figure 9: Taureau zébu Gobra du Sénégal (Meyer, 2013).



Figure 10 : Vache zébu Maure du Sénégal.



Figure 11: Vache Djakoré du Sénégal.



Figure 12: Vache N'Dama du Sénégal en milieu traditionnel.



Figure 13: Vache N'Dama du Sénégal au CRZ de Kolda.

II.1.3. Echantillonnage

II.1.3.1. Méthode d'échantillonnage

L'échantillonnage a été réalisé dans 15 localités des régions de Saint-Louis, Kaolack, Kolda et au niveau du CRZ de Kolda. Le choix des localités dans chaque région a été fait en fonction de l'accessibilité de la race ciblée. Dans chaque région, 5 localités au moins ont été visitées afin d'avoir un échantillon représentatif. Dans cette étude, le choix des élevages dépendait essentiellement de la disponibilité des éleveurs à répondre aux questions qui leur ont été demandées dans les formulaires d'enquête et selon le type d'exploitation (traditionnelle, moderne ou centre d'élevage). Ainsi, 4 bergers des troupeaux de reproduction du CRZ de Kolda et 30 éleveurs, dont 15, 10 et 5, respectivement des régions de Kaolack, Saint-Louis et Kolda, ont été interviewés. Pour chaque localité, 8 élevages au maximum ont été visités, tandis qu'au niveau du CRZ de Kolda, tous les 4 lots de reproduction ont été échantillonnés.

Le choix des animaux s'est fait par sondage aléatoire selon l'âge et l'état physiologique des femelles. Le type phénotypique de chaque animal a été principalement indiqué par l'éleveur. L'âge a été déterminé à partir de la date de naissance et/ou de la dentition de l'animal. Toutefois, pour avoir les animaux les moins apparentés possibles, garants de la représentativité de l'échantillon, 8 animaux au maximum ont été choisis par élevage et 4 par lot de reproduction. Les animaux de la population d'étude sont des bovins adultes dont les mâles sont âgés d'au moins 24 mois et les femelles lactantes d'au moins 36 mois. Le nombre total d'animaux échantillonnés par localité et par région est donné dans le tableau III. Les éleveurs qui ont participé à l'étude ont reçu gratuitement des déparasitants pour chaque animal durant la date de visite.

Au total, 157 animaux ont été sélectionnés dans 30 exploitations et au niveau du CRZ de Kolda. L'effectif des animaux se répartissait comme suit : 45 sujets de la race zébu Gobra (15 mâles et 30 femelles), 36 sujets de la race zébu Maure (11 mâles et 25 femelles), 31 individus de la race Djakoré (6 mâles et 25 femelles) et 45 individus de la race N'Dama (16 mâles et 29 femelles). L'identification des échantillons s'est faite selon trois critères mettant en jeu le nom de la race, la localité d'origine de l'animal et un numéro d'ordre représentatif. Chaque échantillon est ainsi codé en utilisant les deux premières lettres de la race, suivies de deux lettres de la localité d'origine et l'identifiant se termine par le numéro d'ordre (Tableau III). Pour la distinction des élevages bovins, un identifiant est affecté à chaque troupeau ou lot de reproduction. L'identifiant des élevages se compose ainsi des deux premiers lettres du mot

“Elevage” (El), suivies de deux lettres de la localité d’origine, puis il se termine par un numéro d’ordre (Tableau III).

Tableau III: Répartition des animaux échantillonnés selon la région d'étude, la localité d'origine et le type d'exploitation.

Zones agro-écologiques	Régions	Localités	Identifiant des Elevages bovins	Type d'exploitation	Identifiant des individus		Nombre total d'animaux échantillonnés	
					Mâles	Femelles	Localité	Région
Vallée du fleuve Sénégal	Saint-Louis	Taba Darou Salam	EITS16	traditionnelle	-	MaTS05, MaTS06, MaTS07	14	47
			EITS17	traditionnelle	MaTS12	MaTS08, MaTS09, MaTS10, MaTS11		
			EITS18	traditionnelle	-	MaTS13, MaTS14, MaTS15, MaTS16		
		Ndiouguette	EINg19	traditionnelle	-	MaTS17, MaTS18	8	
			Peulh Djeuss	EIPD20	traditionnelle	MaPD28		
		EIPD21		traditionnelle	MaPD29	MaNg23, MaNg24, MaNg25, MaNg26		
		EIPD22		traditionnelle	-	MaPD27, GoPD31, GoPD32		
		EIPD25		traditionnelle	MaPD32, MaPD33, MaPD34, MaPD35, MaPD36, GoPD45	MaPD33, MaPD34 GoPD35, GoPD36, GoPD37, GoPD38, GoPD39		
		Médina Maka Diama Peulh	EIMM23	traditionnelle	-	GoMM40	1	
			EIDP24	traditionnelle	GoDP41, GoDP42, GoDP43, GoDP44, MaDP30, MaDP31	-	6	
Sud Bassin Arachidier	Kaolack	Ndiebel Wardiakhal	EINb01	traditionnelle	GoNb01, GoNb02	GoNb03, GoNb04	4	65
			EIWd02	traditionnelle	GoWd05, GoWd09	GoWd06, GoWd07, GoWd08	15	
			EIWd03	traditionnelle	GoWd12, GoWd13	MaWd01, GoWd10, GoWd11	34	
			EIWd04	traditionnelle	GoWd17, GoWd18	GoWd14, GoWd15, GoWd16		
		Koutal Ouolof	EIKO05	traditionnelle	GoKO21	GoKO19, GoKO20, DjKO01, DjKO02		
			EIKO06	traditionnelle	-	GoKO22, GoKO23		
			EIKO07	traditionnelle	GoKO28	GoKO24, GoKO25, GoKO26, GoKO27		
			EIKO08	traditionnelle	DjKO05, DjKO09	DjKO03, DjKO04, DjKO06, DjKO07, DjKO08		
			EIKO09	traditionnelle	DjKO13, DjKO14, DjKO15	DjKO10, DjKO11, DjKO12		
		EIKO10	traditionnelle	-	MaKO02, DjKO16, DjKO17			
		EIKO11	traditionnelle	-	GoKO29, GoKO30			
		EIKO12	traditionnelle	-	DjKO18, DjKO19, DjKO20, DjKO21			
		Ndiaffate Sibassor	EINf13	traditionnelle	MaNf04	DjKO22, DjKO23, DjKO24, MaNf03	5	
			EISb14	moderne	DjSb26	DjSb25	2	
		Kabatoki	EIKb15	traditionnelle	-	DjKb27, DjKb28, DjKb29, DjKb30, DjKb31	5	
Sénégal Oriental/Haute Casamance	Kolda	Gadapara	EIGp26	traditionnelle	NdGp05, NdGp06, NdGp07	NdGp01, NdGp02, NdGp03, NdGp04	14	45
			EIGp27	traditionnelle	NdGp12, NdGp13, NdGp14	NdGp08, NdGp09, NdGp10, NdGp11		
		Cité Régionale CRZ Kolda	EICR28	traditionnelle	-	NdCR15, NdCR16, NdCR17, NdCR18	4	
			CRZLot C	centre d'élevage	NdCK22	NdCK19, NdCK20, NdCK21	15	
			CRZLot B	centre d'élevage	NdCK23	NdCK24, NdCK25, NdCK26		
			CRZLot A	centre d'élevage	NdCK30	NdCK27, NdCK28, NdCK29		
		Marawata Baya Veliyadembel	CRZLot PT	centre d'élevage	NdCK31, NdCK32, NdCK33	-		
			EIMB29	traditionnelle	NdMB38, NdMB39	NdMB34, NdMB35, NdMB36, NdMB37	6	
			EIVd30	traditionnelle	NdVd43, NdVd45	NdVd40, NdVd41, NdVd42, NdVd44	6	

II.1.3.2. Collecte des données

Les enquêtes ont été réalisées de manière transversale en un seul passage, en administrant des questionnaires aux éleveurs (propriétaires des élevages de bovins), aux bergers (conducteurs des troupeaux de bovins) et aux gestionnaires des lots de reproduction du CRZ de Kolda. Des données relatives aux animaux, à la race et son environnement de production ont été enregistrées à travers deux types questionnaires :

Les questionnaires de type 1 (animal) (Annexe 1) ont été conçues afin de collecter des données relatives :

- aux informations sur l'échantillonnage et les animaux (sexe de l'animal, année de naissance, âge, lieu de naissance, date de collection, nom du collecteur et son institution) ;
- à l'adresse de l'exploitation (région, département, localité, ville la plus proche de la localité) ;
- aux descripteurs phénotypiques (paramètres qualitatifs) définis dans le checklist du document "Guidelines for Phenotypic characterization of animal genetic resources" de la FAO (2012) pour la caractérisation phénotypique des races bovines ;
- à la Note d'Etat Corporel (NEC) des animaux dont l'appréciation a été effectuée sur la base d'une grille de notation de l'état corporel des zébus soudaniens, tirée du fiche technique de Vall et Balaya (2004) ;
- à l'utilisation de l'animal dans son environnement de production ;
- aux traits d'importance économique (production laitière journalière, intervalle vêlage-vêlage, âge au premier vêlage, durée de lactation) ;
- aux facteurs environnementaux fixes (année de naissance, année et mois de vêlage, âge au vêlage actuel, saison de vêlage, parité de vêlage, saison de lactation, stade de lactation).

Les questionnaires de type 2 (race locale et environnement de production) (Annexe 2) ont été conçus afin d'obtenir des données sur :

- les descripteurs de la race (emplacement principal, taille du troupeau, nombre d'éleveurs par troupeau, communauté de management de la race, description des conditions de gestion, données sur l'état des troupeaux) ;
- les descripteurs de l'environnement de production (caractéristiques générales, caractéristiques relatives à la transhumance, type de système de production animale, niveau de confinement, critères d'adaptation en fonction du climat, disponibilité de l'alimentation et de l'eau).

Les paramètres de reproduction et de production ont été fournis par l'éleveur ou le berger. Elles sont par conséquent considérées comme des données indicatives pour évaluer les performances zootechniques des vaches.

Suite au manque de certaines informations, les individus concernés ont été éliminés et les données de 126 animaux ont été utilisées pour effectuer les analyses statistiques.

II.1.4. Analyses statistiques

Les données ont été enregistrées dans le tableur Microsoft Excel 2007 et analysées en utilisant les logiciels XLSTAT version 2010.3.01, R version 3.1.0 (Bloomfield, 2014) et SPSS version 16.0 (SPSS Inc, 2007). Les données corrélatives aux descripteurs phénotypiques des animaux ont été soumises au test d'indépendance du Chi2 (χ^2) au seuil de significativité de 5% pour évaluer les différences entre races. Avec les descripteurs de la race locale et de son environnement de production, des figures descriptives ont été tracées avec le logiciel Excel 2007 afin d'évaluer la distribution des modalités de ces descripteurs en fonction du type d'élevage. Cependant, avec les variables dépendantes (paramètres quantitatifs), l'analyse de variance (ANOVA) a été effectuée afin de tester significativement l'effet des facteurs indépendants. La comparaison multiple des moyennes entre les différents facteurs indépendants a été effectuée par le test de Tukey-Kramer ou HSD (Honestly Significant Difference) au seuil de probabilité de 5%. Les graphes des moyennes ont été tracés avec le logiciel R version 3.1.0.

Par ailleurs, les données relatives aux descripteurs phénotypiques et performances zootechniques de 75 vaches lactantes ont été soumises à l'analyse factorielle discriminante (AFD) pour identifier les caractères qui permettent de discriminer au mieux les différentes races locales. Une détermination de la typologie des vaches par une analyse factorielle des correspondances multiples (AFCM) s'en est suivie afin de distinguer les différents groupes phénotypiques. A ces analyses, s'ajoute celle des effets des facteurs environnementaux fixes sur les traits d'importance économique des vaches selon la procédure GLM (General Linear Model) de SPSS version 16.0. Les données ont été ainsi soumises à l'analyse de variance univariée pour déterminer les moyennes des moindres carrées selon le modèle mathématique suivant :

$$Y_{ijklmnpqr} = \mu + A_i + V_j + G_k + M_l + S_{Vm} + P_n + S_{Lp} + S_{Dq} + e_{ijklmnpqr}$$

D'où,

$Y_{ijklmnpqr}$ = la valeur du $r^{\text{ème}}$ individu sous la $i^{\text{ème}}$ année de naissance, $j^{\text{ème}}$ année de vêlage, $k^{\text{ème}}$ âge au vêlage, $l^{\text{ème}}$ mois de vêlage, $m^{\text{ème}}$ saison de vêlage, $n^{\text{ème}}$ parité de vêlage, $p^{\text{ème}}$ saison de lactation et $q^{\text{ème}}$ stade de lactation (variable réponse).

μ = moyenne de la population.

A_i = l'effet de l' $i^{\text{ème}}$ année de naissance ($i=1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11$)

V_j = l'effet du $j^{\text{ème}}$ année de vêlage ($j = 1, 2, 3$)

G_k = l'effet du $k^{\text{ème}}$ âge au vêlage (1, 2,3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)

M_l = l'effet du $l^{\text{ème}}$ mois de vêlage (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11)

SV_m = l'effet de la $m^{\text{ème}}$ saison de vêlage (1, 2)

P_n = l'effet du $n^{\text{ème}}$ parité de vêlage (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7)

SL_p = l'effet du $p^{\text{ème}}$ saison de lactation (1,2)

SD_q = l'effet du $q^{\text{ème}}$ stade de lactation (1, 2,3)

$e_{ijklmnpqr}$ = l'erreur aléatoire associée à l'individu distribué aléatoirement et indépendamment avec moyenne de zéro et une variance σ^2 .

NB : La production laitière, la durée de lactation, l'âge au premier vêlage et l'intervalle vêlage-vêlage sont les variables réponses utilisées pour mesurer l'efficacité et la rentabilité de la production et de la reproduction des vaches.

La significativité statistique des effets des facteurs environnementaux a été testée en utilisant le "F" test. Ce test est basé sur l'indépendance linéaire des comparaisons par paire entre les moyennes des moindres carrées. Ainsi, les moyennes des moindres carrées ont été estimées et comparées selon le test de Tukey HSD au seuil de probabilité de 5%. Les comparaisons multiples ont été ajustées selon le test de Bonferroni.

II.2. Résultats

II.2.1. Description phénotypique des races locales échantillonnées

Les enquêtes réalisées dans les zones agro-écologiques de la Vallée du Fleuve Sénégal, du Sud du Bassin Arachidier et du Sénégal Oriental/Haute Casamance ont permis d'identifier quatre types phénotypiques que sont : zébu Gobra, zébu Maure, Djakoré et N'Dama. Dans l'ensemble, 126 animaux dont 38 mâles (30,2%) et 88 femelles (69,8%) ont constitué la population d'étude. L'effectif total des animaux par type phénotypique selon les régions et zones agro-écologiques est donné dans le tableau IV :

Tableau IV: Répartition de l'effectif des types phénotypiques répertoriés en fonction des régions et zones agro-écologiques. Zones agro-écologiques: VFS = Vallée du Fleuve Sénégal, SBA = Sud du Bassin Arachidier, SOHC = Sénégal Orientale/Haute Casamance ; Sexe : M =Mâle, F = Femelle.

Régions et zones agro-écologiques	Saint-Louis (VFS)		Kaolack (SBA)		Kolda (SOHC)		Total
	M	F	M	F	M	F	
Zébu Gobra	5	10	5	14	-	-	34
Zébu Maure	8	20	1	2	-	-	31
Djakoré	-	-	4	23	-	-	27
N'Dama	-	-	-	-	15	19	34
Total	43		49		34		126

Le tableau V fait part des fréquences des modalités des différents descripteurs des animaux conformément au type phénotypique.

Tableau V : Fréquences (%) des traits phénotypiques par race.

Traits phénotypiques et modalités	Types phénotypiques				P-value du Chi2
	Zébu Gobra	Zébu Maure	Djakoré	N'Dama	
Profil de la tête (%)					
Rectiligne	97,1	83,9	70,4	70,6	p < 0,05
Convexiligne	2,9	16,1	29,6	29,4	
Forme des yeux (%)					
Arrondie	50	61,3	55,6	73,5	p > 0,05
Polygonale	50	38,7	44,4	26,5	
Forme des oreilles (%)					
Arrondie	23,5	41,9	29,6	44,1	p > 0,05
Droite-tranchant	76,5	58,1	70,4	55,9	
Port des oreilles (%)					
Horizontal	85,3	100	85,2	97,1	p > 0,05
Tombant	14,7	0	14,8	2,9	
Présence de cornes (%)					
Absence	0	0	0	2,9	p > 0,05
Présence	100	100	100	97,1	
Orientation des cornes (%)					
Latéralement	5,9	25,8	3,7	2,9	p < 0,05
Vers le haut	73,5	25,8	63	29,4	
Vers le bas	0	3,2	0	0	
Vers l'avant	20,6	45,2	33,3	61,8	
Vers l'arrière	0	0	0	2,9	
Absence	0	0	0	2,9	
Forme des cornes (%)					
Droite	8,8	32,3	3,7	2,9	p < 0,05
Lyre	91,2	67,7	92,6	94,1	
Taillée	0	0	3,7	0	
Absence	0	0	0	2,9	

Couleur des cornes (%)					
Noir	29,4	51,6	48,1	20,6	p > 0,05
Brun	58,8	45,2	51,9	64,7	
Blanc (non pigmenté)	11,8	3,2	0	11,8	
Absence	0	0	0	2,9	
Développement du fanon (%)					
Faiblement développé	8,8	51,6	11,1	64,7	p < 0,05
Assez développé	73,5	48,4	70,4	29,4	
Développé	17,6	0	18,5	5,9	
Position de la bosse (%)					
Thoracique	100	100	92,6	0	p < 0,05
Absence	0	0	7,4	100	
Taille de la bosse (%)					
Absence	0	0	7,4	100	p < 0,05
Petite	26,5	64,5	63	0	
Moyenne	67,6	35,5	29,6	0	
Large	5,9	0	0	0	
Forme de la bosse (%)					
Absence	0	0	7,4	100	p < 0,05
Droite	88,2	100	92,6	0	
Tombant (vers l'arrière)	11,8	0	0	0	
Taille de la queue¹ (%)					
Moyenne	8,8	19,4	33,3	32,4	p > 0,05
Longue	91,2	80,6	66,7	67,6	
Couleur des paupières (%)					
Pigmentée	91,2	90,3	96,3	58,8	p < 0,05
Non pigmentée (noir)	8,8	9,7	3,7	41,2	
Couleur du museau (%)					
Pigmentée	91,2	77,4	85,2	52,9	p < 0,05
Non pigmentée (noir)	8,8	22,6	14,8	47,1	
Couleur des sabots (%)					
Pigmentée	88,2	80,6	92,6	76,5	p > 0,05
Non pigmentée (noir)	11,8	19,4	7,4	23,5	
Couleur de la peau (%)					
Pigmentée	100	96,8	100	91,2	p > 0,05
Non pigmentée (noir)	0	3,2	0	8,8	
Patrons pigmentaires (%)					
Uniforme	88,2	61,3	81,5	64,7	p < 0,05
Zoné	2,9	22,6	3,7	5,9	
Tacheté	8,8	16,1	14,8	29,4	

¹ Moyenne (aux alentours du jarret), longue (en dessous du jarret).

Couleurs de la robe (%)					
Unique					
Blanc	73,5	6,5	66,7	11,8	p < 0,05
Marron	8,8	9,7	11,1	2,9	
Brun	0	32,3	3,7	0	
Fauve	0	3,2	0	17,6	
Noir	0	0	0	5,9	
Froment	2,9	9,7	0	26,5	
Gris	2,9	0	0	0	
Rouge	0	3,2	0	0	
Blanc sale	0	3,2	0	0	
Composées ²					
Blanc-marron (pie marron)	0	9,7	7,4	8,8	
Marron-blanc	2,9	9,7	7,4	2,9	
Noir-blanc	0	3,2	0	2,9	
Blanc-noir (pie noir)	2,9	0	0	14,7	
Noir-marron	0	3,2	0	0	
Marron-noir	5,9	0	0	5,9	
Gris-blanc	0	3,2	0	0	
Brun-blanc	0	3,2	0	0	
Blanc-rouge (pie rouge)	0	0	3,7	0	

Les observations phénotypiques notées chez les animaux ont permis de distinguer 19 descripteurs avec leurs modalités à des fréquences variables selon les types phénotypiques (Tableau V). Le test d'indépendance du χ^2 a indiqué une forte association entre le facteur race et les traits phénotypiques suivants (p < 0,05) : profil de la tête, orientation des cornes, forme des cornes, développement du fanon, position de la bosse, taille de la bosse, forme de la bosse, couleur des paupières, couleur du museau, patrons pigmentaires et couleurs de la robe.

II.2.2. Structure phénotypique des races locales inférée des analyses multivariées

II.2.2.1. Caractères de discrimination des vaches

L'analyse factorielle discriminante montre que les deux premiers axes (F₁ et F₂) expliquent 95,36% de la variabilité phénotypique totale (Figure 14). Sur les 25 variables introduites dans l'analyse, seulement 11 ont permis de distinguer au mieux les 4 types phénotypiques (Tableau VI). Ces traits discriminatifs sont : la production moyenne de lait par jour (PLAIT), l'orientation des cornes (ORCRN), la forme des cornes (FRMCRN), le développement du fanon (TLLFN), la position de la bosse (PSTBOS), la taille de la bosse (TLLBOS), la forme de la bosse (FRMBOSS), la couleur des paupières (CLPOPI), la couleur

² Première couleur dominante et deuxième secondaire.

du museau (CLMUS), les patrons pigmentaires (APROBE) et les couleurs de la robe (CLROBE).

Selon l'axe F_1 qui décrit 74,48% de la variabilité phénotypique totale, la position de la bosse se présente comme la variable la plus importante avec une contribution de 0,959, suivie de la forme de la bosse (0,894) (Tableau VI). L'axe F_2 , lequel décrit 20,89% de la variabilité, est essentiellement défini par les couleurs de la robe qui se révèle être la variable la plus discriminante de cet axe avec une contribution de 0,488, suivie des patrons pigmentaires (0,355) (Tableau VI). Au vu des coefficients affectés aux variables discriminantes, l'axe F_1 se définit comme l'axe du format de l'animal et de la performance laitière et F_2 comme l'axe des couleurs.

Les traits position de la bosse (PSTBOS) et forme de la bosse (FMRBOS) avec leur forte contribution à la construction de l'axe F_1 , distinguent les vaches N'Dama des autres (Figure 14). D'où, on observe deux groupes phénotypiques. Le premier est constitué par les animaux de la race N'Dama, alors que le second regroupe ceux des races zébu Gobra, zébu Maure et Djakoré. L'axe F_2 avec une forte contribution des couleurs de la robe (CLROBE) et des patrons pigmentaires (APROBE) sépare zébu Maure des races zébu Gobra et Djakoré. Cependant, le caractère CLROBE montre explicitement sur le plan phénotypique que Djakoré ressemble plus au zébu Gobra qu'aux autres races.

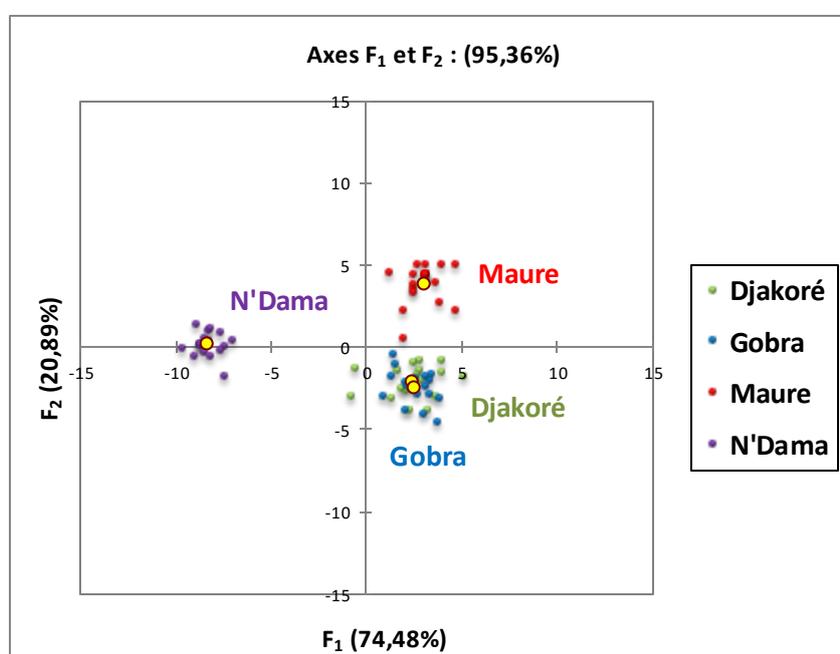


Figure 14: Distribution de la variabilité phénotypique totale exprimée par les pourcentages d'inertie des deux axes les plus discriminants dans le plan principal (F_1 - F_2).

Tableau VI : Contributions des variables discriminantes aux axes factoriels F_1 et F_2 . *PLAIT* = production moyenne de lait par jour ; *ORCRN*= orientation des cornes ; *FRMCRN* = forme des cornes ; *TLLFN*= développement du fanon ; *PSTBOS*= position de la bosse ; *TLLBOS*= taille de la bosse ; *FRMBOS*= forme de la bosse ; *CLPOPI*= couleur des paupières ; *CLMUS*= couleur du museau ; *APROBE*= patrons pigmentaires ; *CLROBE*= couleurs de la robe.

Variabes	PLAIT	ORCRN	FRMCRN	TLLFN	PSTBOS	TLLBOS	FRMBOS	CLPOPI	CLMUS	APROBE	CLROBE
F_1	0,343	0,323	0,084	0,375	0,959	0,519	0,894	0,431	0,360	0,037	0,091
F_2	0,151	-0,414	0,345	-0,148	-0,004	0,291	0,059	-0,015	-0,201	0,355	0,488

II.2.2.2. Classement des vaches

L'analyse factorielle discriminante indique que les animaux des types phénotypiques prédits à travers les différentes exploitations sont bien classés en moyenne dans 97,28% des cas. Les pourcentages des vaches bien classées se lient sur la première diagonale. Les races N'Dama et Djakoré constituent les populations les plus homogènes sur le plan phénotypique avec 100% de leurs animaux correctement classés (Tableau VII). Quant aux races zébu Maure et zébu Gobra, les pourcentages d'animaux correctement classés sont de 95 et 94,12%, respectivement (Tableau VII). Toutefois, 5% et 5,88% des vaches des races zébu Maure et zébu Gobra ont été trouvées incorrectement classées dans les races zébu Gobra et Djakoré, respectivement. Selon ces pourcentages d'animaux incorrectement classés, zébu Gobra et zébu Maure paraient être les races les plus hétérogènes sur le plan phénotypique.

Tableau VII : Pourcentages des vaches correctement ou incorrectement classées.

Types phénotypiques observés	Types phénotypiques prédits (%)			
	Djakoré	Zébu Gobra	Zébu Maure	N'Dama
Djakoré	100	0	0	0
Zébu Gobra	5,88	94,12	0	0
Zébu Maure	0	5	95	0
N'Dama	0	0	0	100

NB : Le pourcentage des vaches bien classées se lit sur la première diagonale.

II.2.2.3. Typologie des vaches

➤ Contribution des différentes variables aux axes factoriels

L'analyse factorielle des correspondances multiples montre que les trois premiers axes expliquent 64,17% de la variabilité phénotypique totale. Quatre descripteurs avec de fortes contributions entre autres la taille de la bosse (18%), la forme de la bosse (18%), les couleurs de la robe (13%) et la production de lait (8%) ont concouru à la construction de l'axe F₁ (Tableau VIII). Cet axe peut être assimilé à l'axe du format de l'animal, des couleurs de la robe et de la production laitière. Les couleurs de la robe (CLROBE), les patrons pigmentaires (APROBE), la durée de lactation (DLACT) et l'orientation des cornes (ORCRN) avec des contributions respectives de 23%, 19%, 13% et 12% ont permis la réalisation de l'axe F₂ (Tableau VIII). Cet axe peut être considéré comme l'axe des couleurs, des patrons pigmentaires ainsi que de la lactation. Cependant, l'axe F₃ exprimant 8,01% de la variabilité phénotypique des vaches est mieux représenté par les variables orientation des cornes (ORCRN) et couleurs de la robe (CLROBE) (Tableau VIII). L'axe F₃ peut donc être assimilé à l'axe du format et des couleurs. En considérant les contributions de ces trois premiers axes, le format de l'animal, les couleurs de la robe et la production laitière sont les caractères les plus prépondérants dans la discrimination des vaches.

Tableau VIII : Contributions des variables aux axes factoriels F₁, F₂ et F₃.

Code/Variables actives	F ₁ *	F ₂ *	F ₃ *
PLAIT/ Production lait (litres/jour)	0,08	0,03	0,05
DLACT/ Durée lactation (jours)	0,01	0,13	0,06
ORCRN/ Orientation cornes	0,04	0,12	0,21
TLLBOS/ Taille bosse	0,18	0,05	0,08
FRMBOS/ Forme bosse	0,18	0,05	0,03
CLMUS/ Couleur museau	0,07	0,05	0,03
APROBE/ Patrons pigmentaires	0,03	0,19	0,03
CLROBE/ Couleurs de la robe	0,13	0,23	0,18

*=%

➤ Identification des groupes de vaches

La figure 15 rend compte des différentes corrélations possibles entre variables discriminantes suivant le plan principal (F₁-F₂). L'axe F₁ divise les vaches lactantes des différents types phénotypiques en deux groupes avec 46,54% de la variabilité totale. Les vaches

qui forment le groupe phénotypique I (à gauche de l'axe F₁) sont caractérisées par les modalités suivantes : TLLBOS-my, TLLBOS-pt, FRMBOS-dr, FRMBOS-tarr, CLROBE-bl, CLROBE-mr, CLROBE-br, CLROBE-fv, CLROBE-bls, CLROBE-blmr, CLROBE-mrbl, PLAITS-] 2-4] et PLAITS>4 (Figure 15). Les vaches lactantes de ce groupe s'identifient par une variabilité de la taille et de la forme de leur bosse, la couleur unique de leur robe et une assez bonne production laitière. A ce groupe s'oppose celui du côté droit de l'axe F₁ (groupe phénotypique II), lequel est identifié par les modalités suivants : TLLBOS-abs, FRMBOS-abs, CLROBE-fr, CLROBE-gr, CLROBE-blmr, CLROBE-nrbl, CLROBE-nrnr, CLROBE, blrg, et PLAITS<2 (Figure 15). Les vaches de ce groupe phénotypique II se caractérisent par l'absence de bosse, des couleurs composées de leur robe et une faible production laitière.

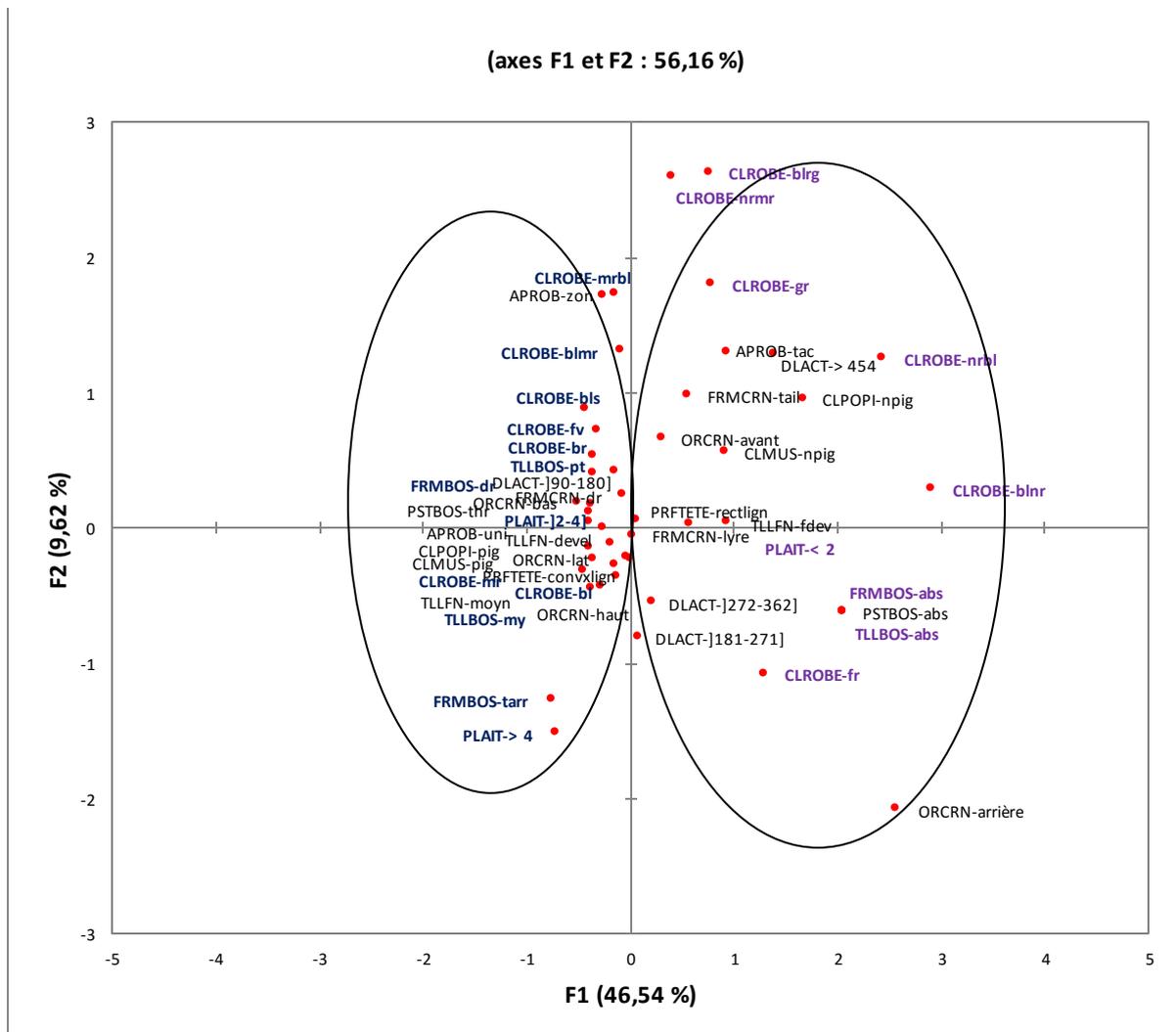


Figure 15: Typologie des vaches en fonction des variables les plus discriminantes dans le plan factoriel (F₁-F₂).

II.2.3. Description de l'environnement de production des races locales

II.2.3.1. Distribution des élevages bovins suivant les zones agro-écologiques

Les investigations menées sur les races bovines locales ont concerné 34 élevages répartis dans les zones agro-écologiques de la Vallée du Fleuve Sénégal (VFS), du Sud du Bassin Arachidier (SBA) et du Sénégal Oriental/Haute Casamance (MHC). La figure 16 présente la distribution des élevages bovins en fonction des zones agro-écologiques. Au vu de la répartition des élevages bovins, la zone du Sud du Bassin Arachidier présente la plus grande diversité en troupeaux.

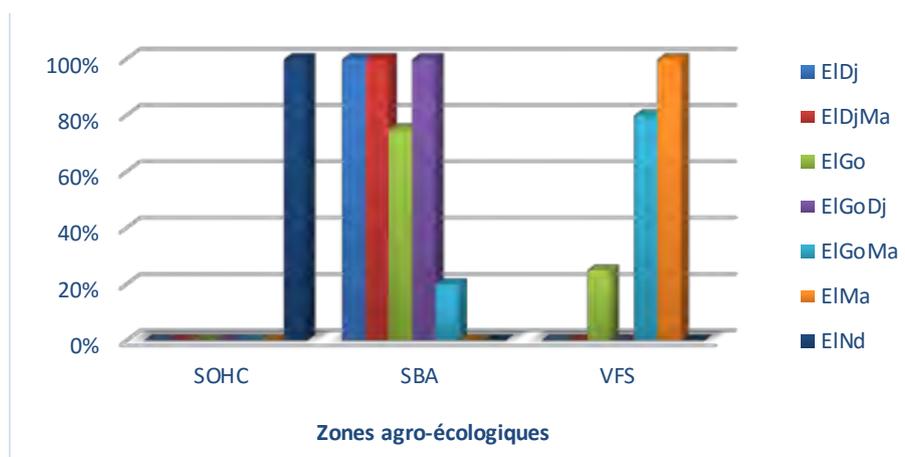


Figure 16: Distribution des élevages bovins suivant les zones agro-écologiques. Zones agro-écologiques : VSF (Vallée du Fleuve Sénégal), SBA (Sud Bassin Arachidier), SOHC (Sénégal Oriental/Haute Casamance). Elevages bovins : ElDj= élevage Djakoré, ElGo= élevage zébu Gobra, ElMa = élevage zébu Maure, ElNd= élevage N'Dama, ElDjMa= élevage Djakoré - zébu Maure, ElGoMa= élevage zébu Gobra - zébu Maure, ElGoDj= élevage zébu Gobra - Djakoré.

II.2.3.2. Distribution des descripteurs de la race en fonction des élevages bovins

La figure 17 traduit la distribution en fréquence des différentes communautés de management des élevages bovins. Les troupeaux des races zébu Gobra, zébu Gobra - zébu Maure, zébu Gobra - Djakoré, Djakoré - zébu Maure et 80% des élevages Djakoré sont gérés par des éleveurs de subsistance. Les élevages zébu Maure et N'Dama se trouvent managés par les trois communautés.

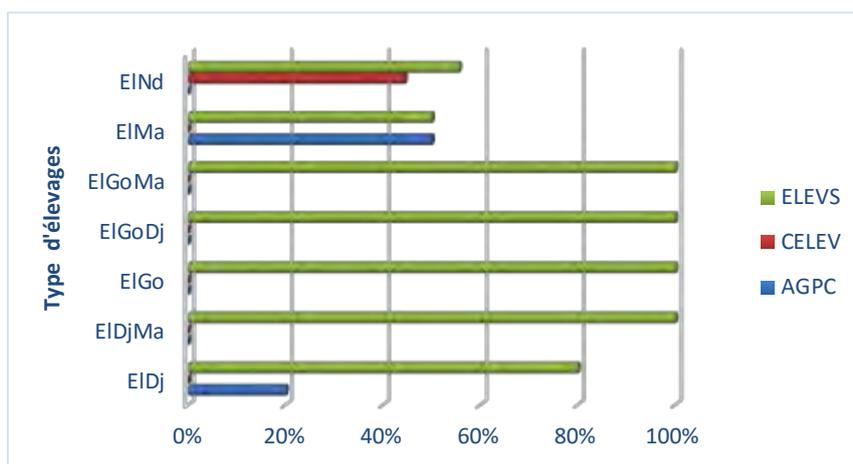


Figure 17: Distribution des différentes communautés de management de la race en fonction du type d'élevage. Communautés de management de la race : *ELEVS* (éleveurs de subsistance), *CELEV* (centre d'élevage), *AGPC* (agropasteurs commerciaux).

La distribution en fréquence des types d'habitat en fonction du type d'élevage est représentée par la figure 18. Les enclos en plein air constituent le type d'habitat fréquemment rencontré dans la plupart des élevages. Cependant, chez les élevages N'Dama et Djakoré - zébu Maure, les troupeaux sont confinés dans des étables ou les enclos en plein air.

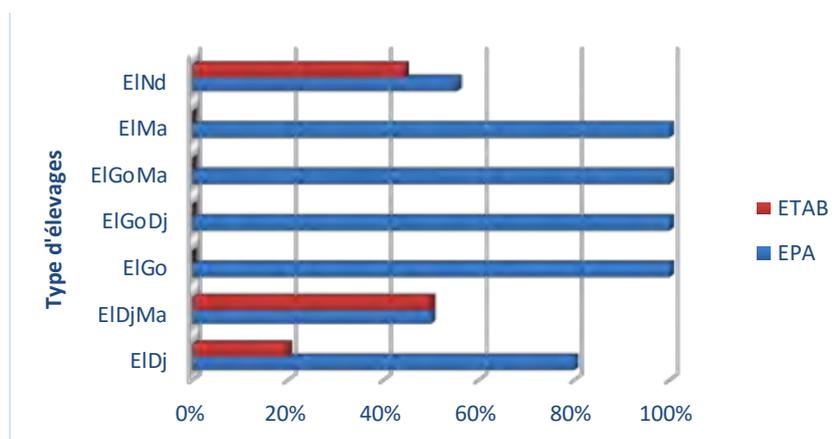


Figure 18: Distribution du type d'habitat en fonction du type d'élevage. Types d'habitat: *ETAB* (étables), *EPA* (enclos en plein air).

La figure 19 traduit la répartition des types d'exploitation où évoluent les différents troupeaux rencontrés. En général, les élevages bovins sont des exploitations traditionnelles. Chez les troupeaux Djakoré, 20% sont des élevages de type moderne, alors que 44% des troupeaux N'Dama demeurent dans un centre d'élevage.

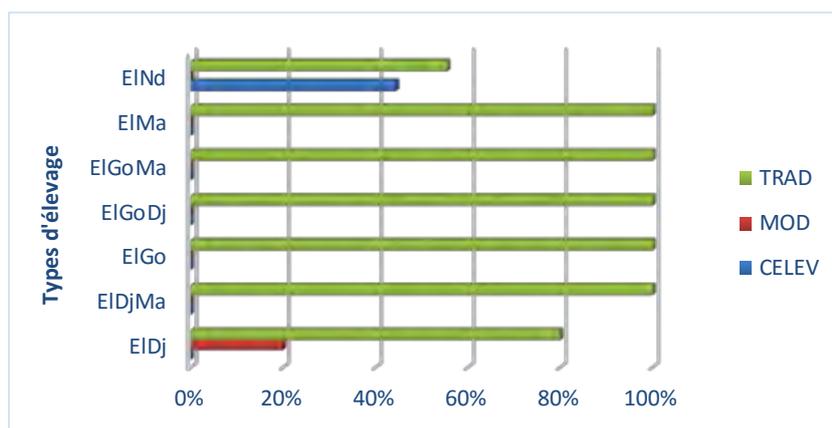


Figure 19: Distribution du type d'exploitation selon le type d'élevage. Types d'exploitation : TRAD (traditionnelle), MOD (moderne), CELEV (centre d'élevage).

La figure 20 présente la répartition des modalités d'utilisation des animaux par ordre d'importance selon le type d'élevage.

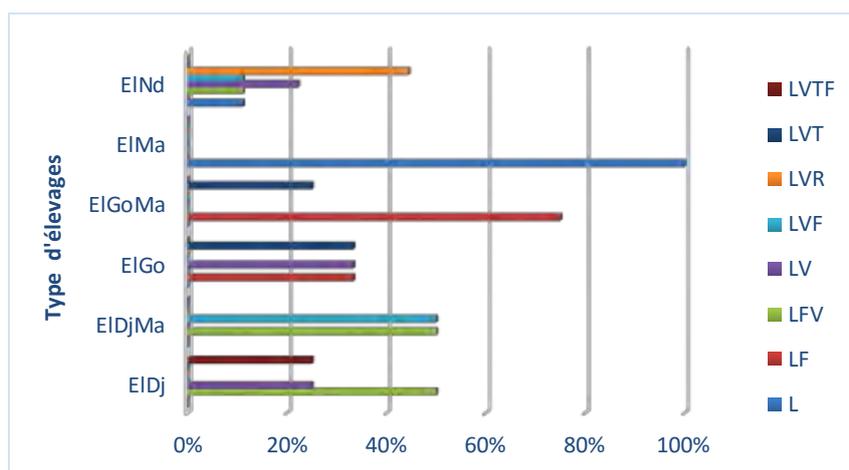


Figure 20: Distribution de différentes modalités d'utilisation des animaux par ordre d'importance en fonction du type d'élevage. Modalités d'utilisation par ordre d'importance : L (lait), LF (lait, fumier), LV (lait-viande), LVF (lait-viande-fumier), LFF (lait-fumier-viande), LVT (lait-viande-traction), LVR (lait-viande-recherche), et LVTF (lait-viande-traction-fumier).

La figure 21 traduit la distribution des modalités d'alimentation des animaux en fonction du type d'élevage. Le pâturage est le mode alimentaire principalement trouvé chez la plupart des troupeaux.

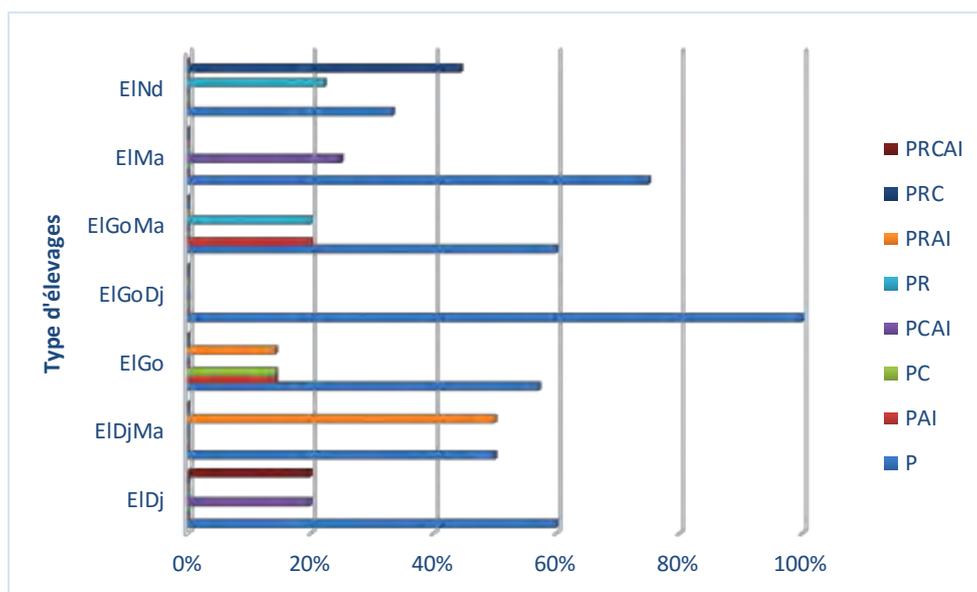


Figure 21: Distribution de différentes modalités alimentaires des animaux par ordre d'importance en fonction du type d'élevage. Conduites alimentaires : P (pâturation), PC (pâturation-concentrés), PR (pâturation-résidus de récolte), PAI (pâturation-aliment de bétail industrialisé), PRC (pâturation-résidus de récolte-concentrés), PRAI (pâturation-résidus de récolte-aliment de bétail industrialisé), PCAI (pâturation-concentrés-aliment de bétail industrialisé), PRCAl (pâturation-résidus de récolte-concentrés-aliment de bétail industrialisé). Concentrés = tourteaux d'arachide, son de mil, grains de maïs, son de riz, son de blé, graines de coton ; Résidus de récolte : niébé fourrager, paille de brousse, paille d'arachide, paille de riz, foin.

La répartition des modalités de conduites sanitaires des animaux selon le type d'élevage est représentée par la figure 22. Les élevages zébu Gobra, Djakoré - zébu Maure et zébu Gobra - zébu Maure ont des animaux vaccinés régulièrement contre la dermatose, le charbon symptomatique et la pasteurellose. Chez les élevages Djakoré, approximativement 80% des troupeaux font une vaccination régulière. Pour les troupeaux zébu Maure, la vaccination se fait de manière occasionnelle. Quant aux élevages N'Dama, 50% font une vaccination régulièrement en plus de la chimiothérapie contre la trypanosomose et le déparasitage.

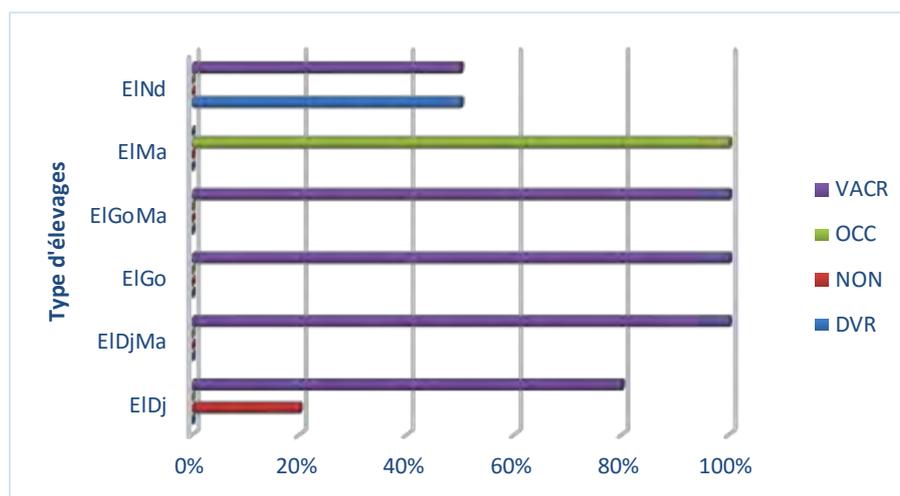


Figure 22: Distribution des différentes modalités de conduites sanitaires des animaux selon le type d'élevage. Conduites sanitaires : VACR (vaccination régulière), OCC (vaccination occasionnelle), NON (pas de vaccination), DVR (déparasitage-vaccination régulière). ElDj, ElGo, ElMa, ElDjMa, ElGoDj, ElGoMa = vaccination contre la dermatose, le charbon symptomatique, pasteurellose ; EINd = vaccination contre le charbon symptomatique, pasteurellose et chimiothérapie contre la trypanosomose.

Les résultats du tableau IX indiquent que la taille moyenne des troupeaux varie de $19,3 \pm 8,2$ à $188,5 \pm 131,9$ animaux chez les races Djakoré et zébu Maure, respectivement, avec une moyenne de $85,5 \pm 88,5$ animaux par troupeau. L'analyse de variance révèle que le type d'élevage n'a pas d'effet significatif sur la taille moyenne des troupeaux ($p > 0,05$).

Tableau IX : Résumé des statistiques descriptives de la taille des troupeaux par type d'élevage.

Types d'élevage	Effectif	Moyenne \pm SD	Maximum	Minimum
ElDj	04	$19,3 \pm 8,2$	30	10
ElGo	02	$92,5 \pm 3,5$	95	90
ElMa	04	$188,5 \pm 131,9$	300	42
EINd	03	$83,7 \pm 33,6$	106	45
ElDjMa	02	$35 \pm 7,1$	40	30
ElGoDj	-	-	-	-
ElGoMa	02	$57 \pm 60,8$	100	14
Total	17	$85,4 \pm 88,5$	300	10

Les résultats du tableau X montrent que le nombre moyen d'éleveurs varie de 2 ± 1 à $5,5 \pm 2,1$ chez les élevages des races zébu Gobra - zébu Maure et Djakoré, respectivement, avec une moyenne de $3,1 \pm 1,7$ éleveurs par troupeau. L'analyse de variance révèle que le nombre moyen d'éleveurs par troupeau varie significativement selon le type d'élevage ($p < 0,05$).

Tableau X : Résumé des statistiques descriptives du nombre d'éleveurs par troupeau selon le type d'élevage.

Types d'élevage	Effectif	Moyenne ± SD	Maximum	Minimum
EIDj	02	5,5 ± 2,1	7	4
ElGo	04	2,8 ± 1,3	4	1
ElMa	03	2,3 ± 1,2	3	1
EINd	06	4,2 ± 1,6	7	2
EIDjMa	02	2 ± 1,4	3	1
ElGoDj	-	-	-	-
ElGoMa	05	2 ± 1	3	1
Total	22	3,1 ± 1,7	7	1

II.2.3.3. Distribution des descripteurs l'environnement de production des races locales en fonction du type d'élevage

La figure 23 présente la répartition en fréquence des périodes de l'année durant lesquelles l'environnement de production des bovins décrit ou non un système de transhumance saisonnière. L'environnement de production de plus de 67% des élevages décrit un système de transhumance durant la saison sèche. A l'exception, le biotope de production des élevages N'Dama n'est pas concerné par la transhumance saisonnière.

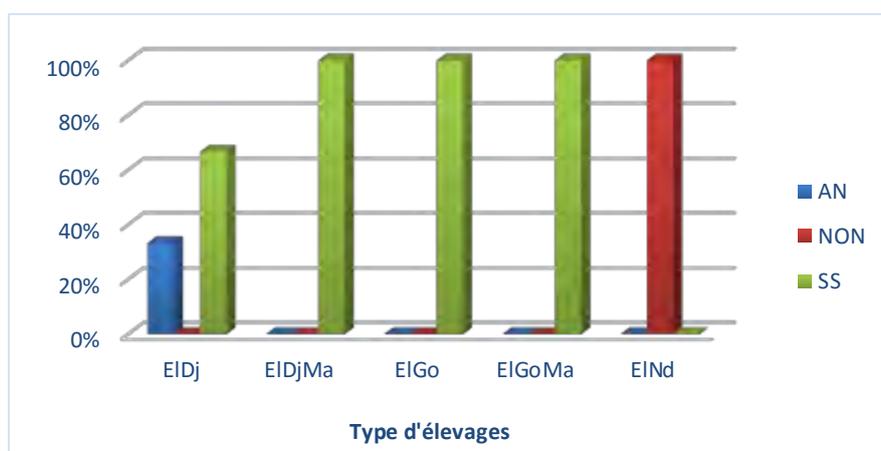


Figure 23: Distribution des périodes durant lesquelles l'environnement de production décrit ou non un système de transhumance saisonnière suivant les élevages bovins. Modalités des périodes de l'année: AN (saison sèche et saison des pluies), SS (saison sèche), NON (aucune des périodes de l'année).

La figure 24 présente les modalités des systèmes d'élevage dans lesquels évoluent les animaux des différents types phénotypiques.

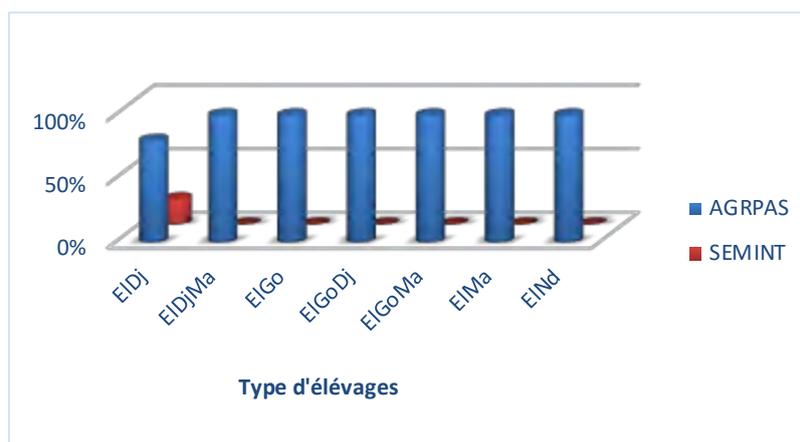


Figure 24: Distribution en fréquence des modalités des systèmes d'élevage des bovins. Systèmes d'élevage : AGRPAS (agropastoral), SEMINT (semi-intensif).

La figure 25 présente les périodes durant lesquelles les différents troupeaux effectuent la transhumance.

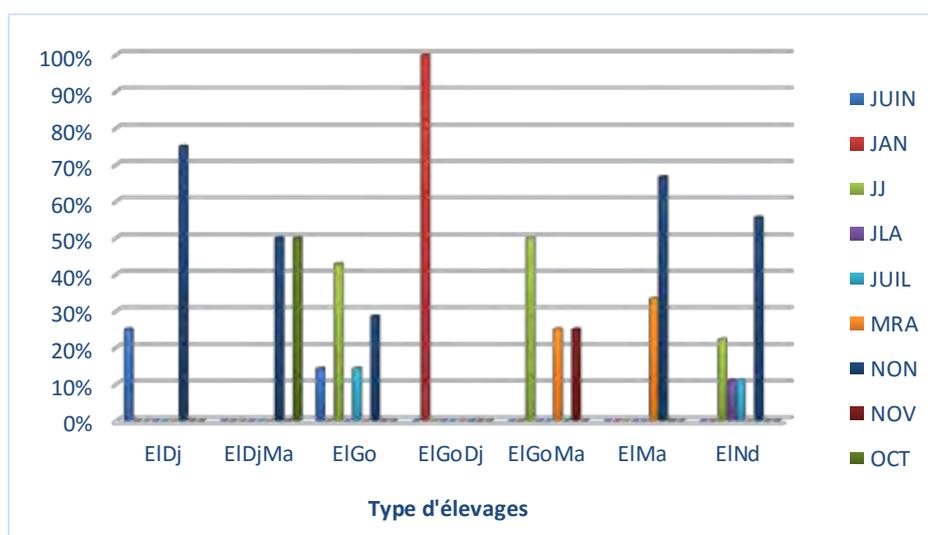


Figure 25: Distribution en fréquence des modalités de la période de transhumance en fonction des élevages bovins. Périodes de transhumance : JUN (juin), JAN (janvier), JJ (juin-juillet), JLA (juillet-août), JUIL (juillet), MRA (mars-avril), NOV (novembre), OCT (octobre), NON (pas de transhumance).

La figure 26 traduit la distribution en fréquence des modalités de la périodicité de la transhumance selon le type d'élevage.

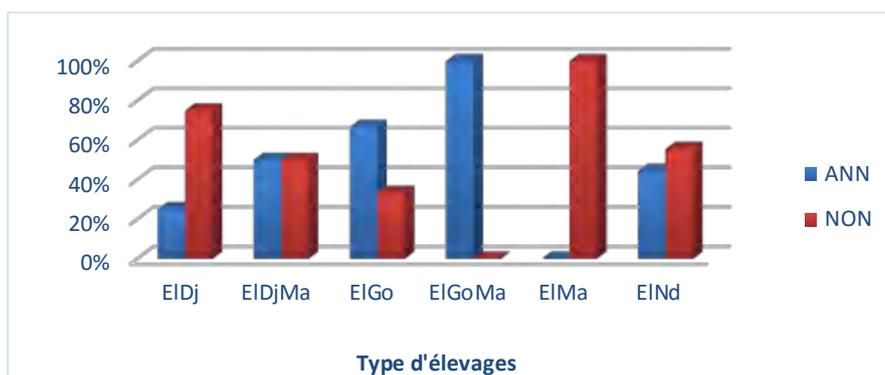


Figure 26: Distribution en fréquence des modalités de la périodicité de transhumance en fonction du type d'élevage. Périodicité : ANN (tous les ans), NON (pas de transhumance ou non déterminé).

La figure 27 présente la distribution en fréquence des lieux de transhumance des troupeaux suivant le type d'élevage.

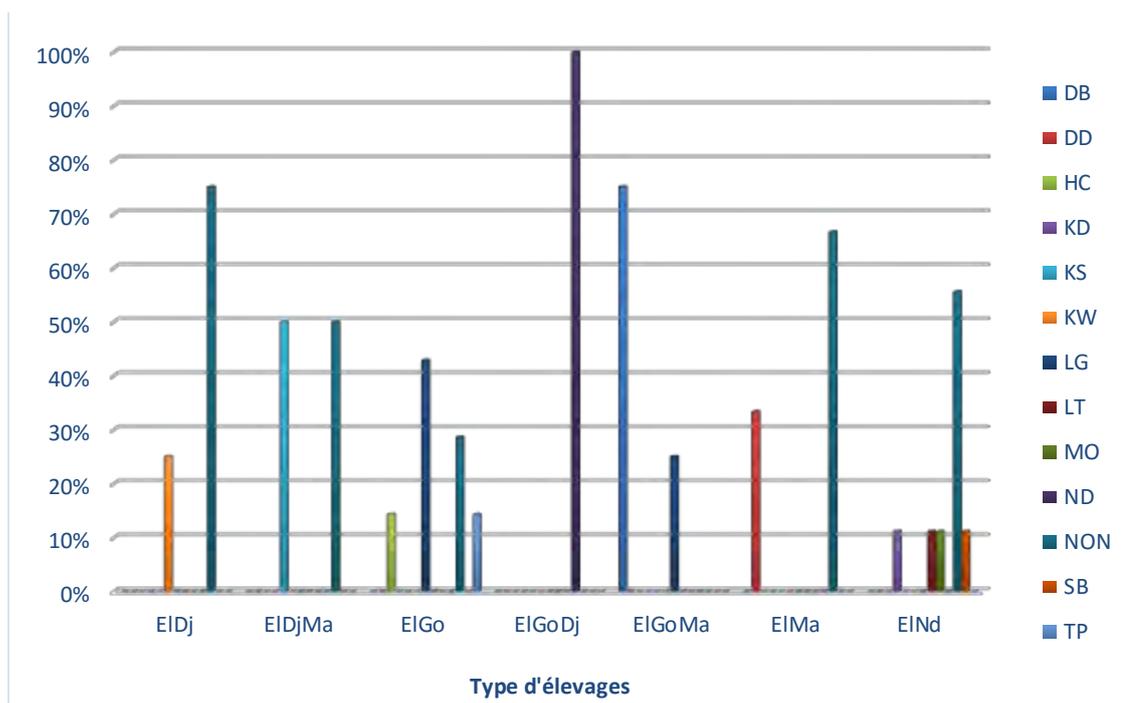


Figure 27: Distribution des modalités des lieux de transhumance par type d'élevage. Lieux de transhumance : DB (Debi, près du parc de Djoudj, Saint-Louis), DD (Diadiam 2, près de Diama, Saint-Louis), HC (Hach, Saint-Louis), KD (Kolda, Département de Kolda), KS (Keur Socé, Département de Kaolack), KW (Keur Waly, près de Ndiaffate, Kaolack), LG (Louga, Dahra Djoloff), LT (Lingueto, Département de Kolda), MO (Maon, à 5 Km de Kolda), ND (Ndiédieng, Kaolack), SB (Soubali, à 30 Km de Kolda), TP (Tirpa, Département de Guigueneo, Kaolack), NON (pas de transhumance).

La figure 28 traduit la répartition des différents troupeaux rencontrés durant la transhumance.

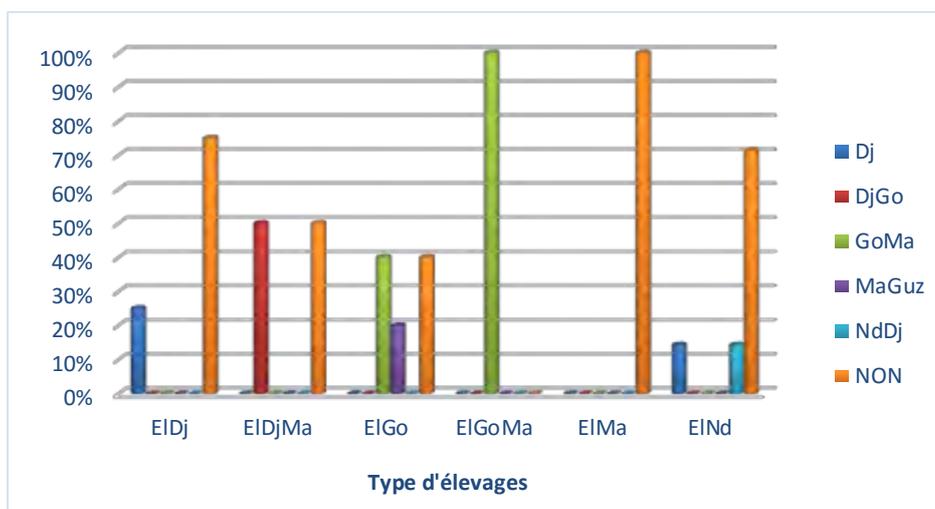


Figure 28: Distribution des différents troupeaux rencontrés durant la transhumance. Troupeaux rencontrés : Dj (Djakoré), DjGo (Djakoré - zébu Gobra), GoMa (zébu Gobra - zébu Maure), MaGuz (zébu Maure - Guzérat), NdDj (N'Dama - Djakoré), NON (aucun troupeau rencontré ou pas de transhumance).

La figure 29 présente la distribution des modalités de l'effectif des animaux requis pour la transhumance.

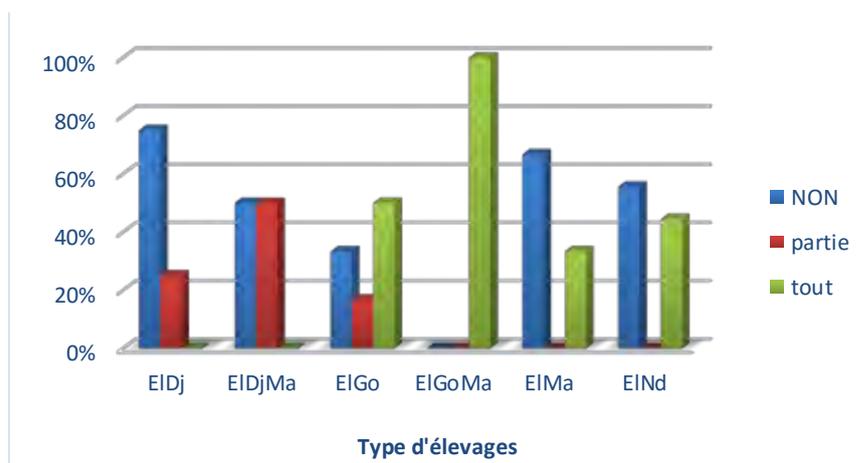


Figure 29: Distribution des modalités de l'effectif requis pour la transhumance. Modalités: tout (le troupeau entier), partie (une partie du troupeau), NON (pas de transhumance ou non déterminé).

La figure 30 présente les différentes modalités d'adaptation des animaux en fonction du climat selon le type d'élevage.

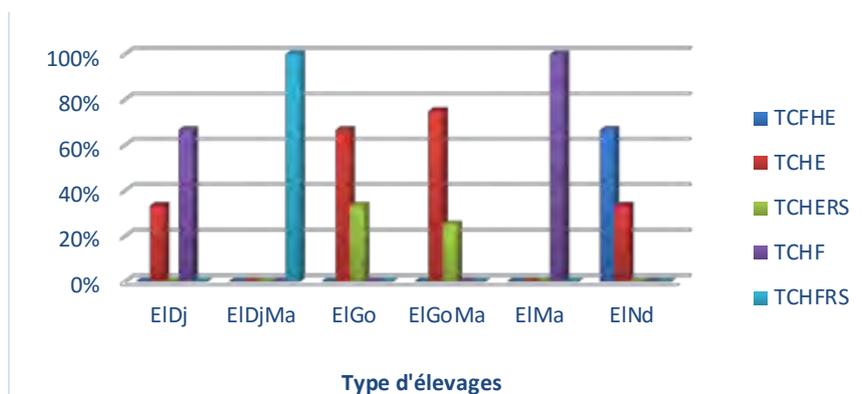


Figure 30 : Modalités d'adaptation des animaux en fonction du climat. Critères d'adaptation : TCHE (tolérants à la chaleur- humidité élevée), TCHF (tolérants à la chaleur- humidité faible), TCFHE (tolérants à la chaleur-froid-humidité élevée), TCHERS (tolérants à la chaleur-humidité élevée- adaptés au rayonnement solaire), TCHFERS (tolérants à la chaleur-humidité faible- adaptés au rayonnement solaire).

La figure 31 présente la distribution des modalités de la disponibilité de l'alimentation et de l'eau.

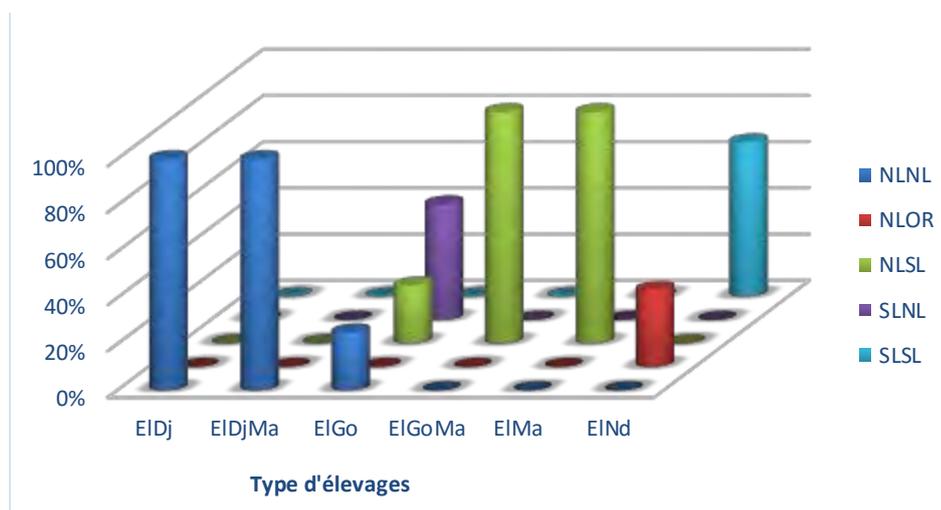


Figure 31: Disponibilité de l'alimentation et de l'eau par type d'élevage. Modalités de la disponibilité de l'alimentation et de l'eau : NLNL (non limitée/non limitée), NLOR (non limitée/occasionnellement restreinte), NLSL (non limitée/souvent limitée), SLNL (souvent limitée/non limitée), SLSL (souvent limitée/souvent limitée).

La figure 32 décrit la courbe de la durée moyenne (en mois) pendant laquelle les animaux restent dans leur environnement de production. Nous pouvons constater que la durée moyenne varie de $7,3 \pm 2,4$ à $11,3 \pm 1,5$ mois chez les troupeaux zébu Gobra - zébu Maure et Djakoré, respectivement. L'analyse de variance a cependant montré que le type d'élevage n'a pas d'influence sur la durée ($p > 0,05$).

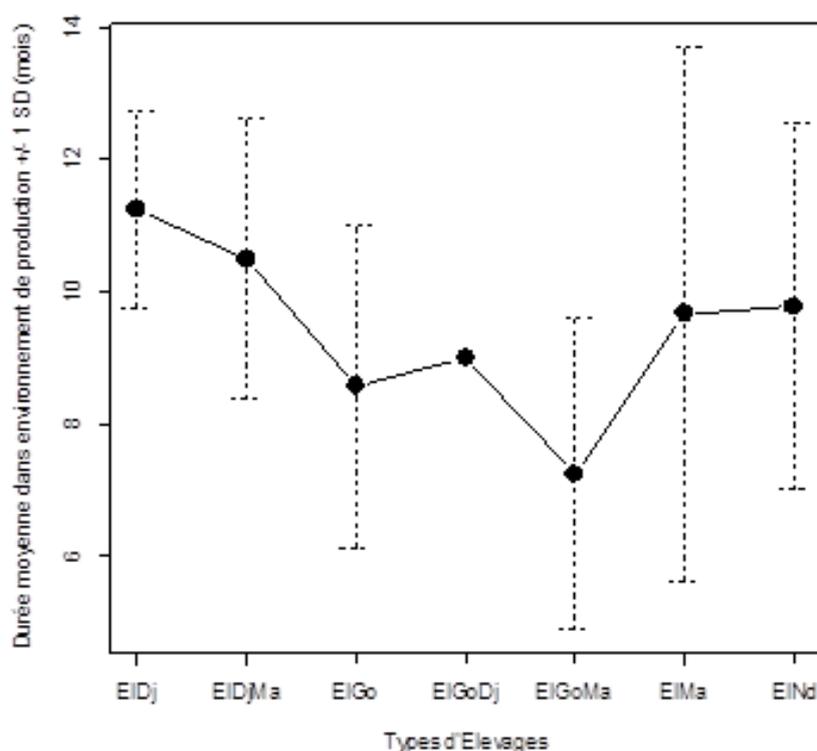


Figure 32 : Durée moyenne pendant laquelle les animaux restent dans leur environnement de production par type d'élevage.

La figure 33 présente la courbe de la durée moyenne (en mois) de la transhumance en fonction des élevages bovins. La durée moyenne de la transhumance varie de $0,8 \pm 1,5$ à $4,8 \pm 2,4$ mois respectivement chez les troupeaux Djakoré et zébu Gobra - zébu Maure. L'analyse de variance indique que le type d'élevage, la période de transhumance et l'interaction type d'élevage*période de transhumance n'ont pas d'effet significatif sur la durée moyenne de la transhumance ($p > 0,05$).

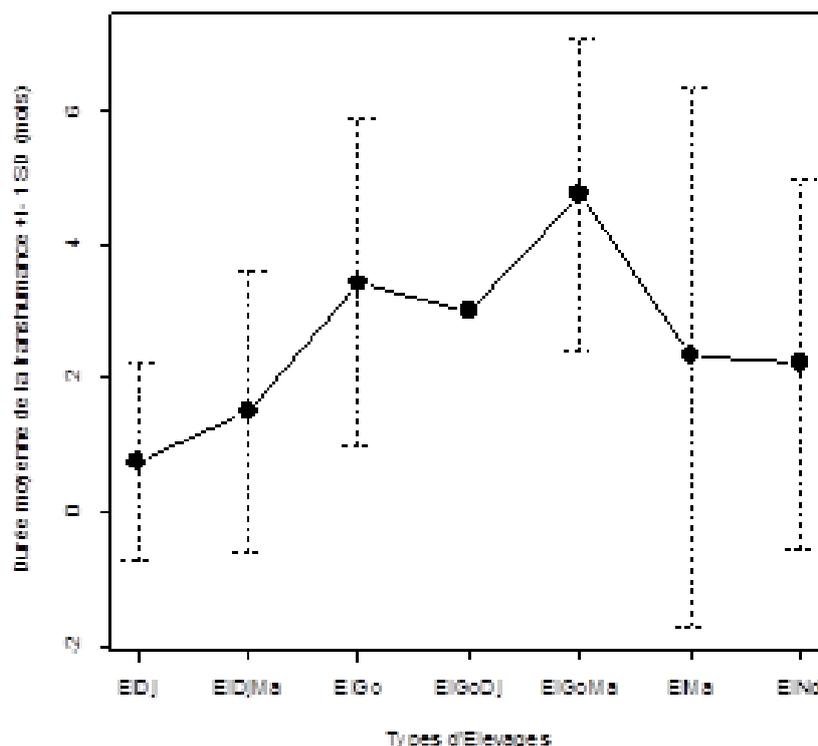


Figure 33 : Durée moyenne de la transhumance des troupeaux de bovins en fonction du type d'élevage.

II.2.4. Appréciation des performances de production et de reproduction des vaches

II.2.4.1. Statistiques descriptives des performances de production et de reproduction

Les tableaux XI et XII présentent les valeurs moyenne, maximum et minimum des paramètres de reproduction et de production des vaches lactantes des différents types phénotypiques.

- La production moyenne de lait par jour varie de $1 \pm 0,4$ litre chez la vache N'Dama à $2,7 \pm 1,4$ litres chez la vache zébu Gobra. La production moyenne journalière de la population totale est de $2,1 \pm 1,1$ litres. L'analyse de variance indique une variation très significative de la production moyenne de lait par jour en fonction de la race ($p < 0,0001$). Le test des comparaisons multiples révèle une différence de la production laitière moyenne entre les vaches zébus Gobra et zébus Maure et celles des races Djakoré et N'Dama. Deux groupes ont été définis à partir des moyennes estimées : les vaches zébus Gobra et Maure d'une part et celles des races Djakoré et N'Dama d'autre part.

- Pour l'âge au premier vêlage, il varie de $46,2 \pm 7,9$ mois en moyenne chez zébu Gobra à $53 \pm 8,8$ mois chez N'Dama. Lorsque l'on considère la population totale, l'âge moyen au

premier vêlage est de $50,4 \pm 10,7$ mois. L'analyse de variance révèle que le facteur race n'a pas d'influence sur l'âge au premier vêlage ($p > 0,05$).

- L'intervalle vêlage-vêlage a varié en moyenne de $523,6 \pm 188$ jours chez la vache Gobra à $900 \pm 242,7$ jours chez la vache N'Dama. L'intervalle vêlage-vêlage moyenne des vaches de la population totale est de $617,3 \pm 245,9$ jours. L'intervalle vêlage-vêlage a varié très significativement selon la race ($p < 0,0001$). Le test des comparaisons multiples montre une différence de l'intervalle vêlage-vêlage moyen entre les vaches zébus Gobra, zébu Maure, Djakoré et celles de la race N'Dama. A partir des moyennes estimées de l'intervalle vêlage-vêlage, deux groupes ont été considérés : les vaches N'Dama d'une part et celles des races zébu Gobra, zébu Maure et Djakoré d'autre part.

- La durée de la lactation a varié en moyenne de $178,5 \pm 69,8$ jours chez la vache zébu Maure à $269,2 \pm 110,8$ jours chez la vache N'Dama. La durée moyenne de lactation de la population totale est de $223 \pm 109,3$ jours. La durée de lactation a varié significativement selon la race ($p < 0,05$). Ainsi, une différence de la durée moyenne de lactation a été observée entre les vaches zébus Maure et N'Dama. A partir des moyennes estimées de la durée de lactation, trois groupes ont été définis : les vaches N'Dama ; les vaches zébus Gobra et Djakoré ; et les vaches zébus Maure.

Tableau XI : Moyennes (\pm SD) des paramètres de production et reproduction des vaches des différents types phénotypiques. Les nombres mis en parenthèses correspondent au nombre d'observations pour chaque trait. Les moyennes qui ne sont pas suivies des lettres sur la même ligne sont significativement différentes ; NS : non significatif, * : $p < 0,05$ (significatif), ** : $p < 0,01$ (très significatif), *** : $p < 0,0001$ (hautement significatif) ; #Durée de lactation : variant entre 90 et 720 jours.

Types phénotypiques	Zébu Gobra	Zébu Maure	Djakoré	N'Dama	Total	P-value
Paramètres						
Production laitière (en litres)						
Matin	1,6 \pm 0,6 ^b (13)	1,5 \pm 0,7 ^b (20)	0,9 \pm 0,3 ^a (20)	0,6 \pm 0,2 ^a (09)	1,2 \pm 0,6 (62)	< 0,0001***
Soir	1,5 \pm 0,6 ^b (17)	1,2 \pm 0,9 ^{ab} (19)	0,8 \pm 0,4 ^a (20)	0,6 \pm 0,2 ^a (06)	1,1 \pm 0,7 (62)	0,004**
Journalière (en litres/jour)	2,7 \pm 1,4 ^b (17)	2,6 \pm 0,7 ^b (20)	1,7 \pm 0,7 ^a (20)	1 \pm 0,4 ^a (09)	2,1 \pm 1,1 (66)	< 0,0001***
Age au premier vêlage (en mois)	46,2 \pm 7,9 (17)	49,8 \pm 11,2 (20)	52,2 \pm 13,1 (20)	53 \pm 8,8 (18)	50,4 \pm 10,7 (75)	0,234 ^{NS}
Age au premier vêlage (en jours)	1387,1 \pm 236,1 (17)	1494 \pm 336 (20)	1566 \pm 392,2 (20)	1590 \pm 263,8 (18)	1512 \pm 320,1 (75)	0,234 ^{NS}
Intervalle vêlage-vêlage (en mois)	17,5 \pm 6,3 ^a (11)	17,6 \pm 6 ^a (16)	18,2 \pm 5,7 ^a (13)	30 \pm 8,1 ^b (12)	20,6 \pm 8,2 (52)	< 0,0001***
Intervalle vêlage-vêlage (en jours)	523,6 \pm 188 ^a (11)	528,8 \pm 179,6 ^a (16)	544,6 \pm 170,5 ^a (13)	900 \pm 242,7 ^b (12)	617,3 \pm 245,9 (52)	< 0,0001***
#Durée de lactation (en jours)	201,2 \pm 74,8 ^{ab} (17)	178,5 \pm 69,8 ^a (20)	244,5 \pm 144,8 ^{ab} (20)	269,2 \pm 110,8 ^b (18)	223 \pm 109,3 (75)	0,043*

Tableau XII : Valeurs maximum et minimum des paramètres de production et de reproduction des vaches des différents types phénotypiques. n= nombre d'observations pour chaque trait ; #Durée de lactation : variant entre 90 et 720 jours.

Types phénotypiques	Zébu Gobra	Zébu Maure	Djakoré	N'Dama	Total
Paramètres					
Production laitière (en litres)					
Matin	3 ; 1 (13)	3 ; 0 (20)	1,5 ; 0,5 (20)	1 ; 0,3 (09)	3 ; 0 (62)
Soir	3 ; 1 (17)	4 ; 0 (19)	1,5 ; 0 (20)	1 ; 0,5 (06)	4 ; 0 (62)
Journalière (en litres /jour)	6 ; 1 (17)	4 ; 0,5 (20)	3 ; 0,8 (20)	2 ; 0,3 (09)	6 ; 0,3 (66)
Age au premier vêlage (en mois)	60 ; 36 (17)	84 ; 36 (20)	96 ; 36 (20)	72 ; 42 (18)	96 ; 36 (75)
Age au premier vêlage (en jours)	1800 ; 1080 (17)	2520 ; 1080 (20)	2880 ; 1080 (20)	2160 ; 1260 (18)	2880 ; 1080 (75)
Intervalle vêlage-vêlage (en mois)	24 ; 12 (11)	24 ; 12 (16)	26 ; 12 (13)	36 ; 12 (12)	36 ; 12 (52)
Intervalle vêlage-vêlage (en jours)	720 ; 360 (11)	720 ; 360 (16)	780 ; 360 (13)	1080 ; 360 (12)	1080 ; 360 (52)
#Durée de lactation (en jours)	360 ; 90 (17)	360 ; 90 (20)	720 ; 90 (20)	480 ; 120 (18)	720 ; 90 (75)

Le tableau XIII présente les moyennes des paramètres de production et de reproduction des vaches par type d'élevage.

- Selon l'âge au premier vêlage, les vaches des élevages zébu Gobra sont les plus précoces avec un âge moyen au premier vêlage de $45,8 \pm 7,3$ mois, suivies de celles des élevages zébu Maure ($48,6 \pm 7,7$ mois), Djakoré ($48 \pm 6,7$ mois). L'analyse de variance montre que le type d'élevage a un effet significatif sur l'âge moyen au premier vêlage ($p < 0,05$). Le test des comparaisons multiples rend compte de la différence de l'âge moyen au premier vêlage entre les vaches des troupeaux zébu Gobra, zébu Maure, Djakoré et celles des élevages Djakoré - zébu Maure. A partir des moyennes estimées, trois groupes ont été considérés : les vaches des troupeaux Djakoré - zébu Maure ; les vaches des élevages N'Dama ; et les vaches des élevages zébu Maure, Djakoré, zébu Gobra, zébu Gobra – zébu Maure et zébu Gobra -Djakoré.

- Pour l'intervalle vêlage-vêlage, il a été plus réduit avec 360 jours chez les vaches des élevages zébu Gobra - Djakoré et plus longue chez celles des troupeaux N'Dama ($900 \pm 242,7$ jours). L'analyse de variance a révélé l'influence positive du type d'élevage sur l'intervalle vêlage-vêlage ($p < 0,0001$). Ainsi, un écart de l'intervalle moyen vêlage-vêlage a été noté entre les vaches des élevages zébu Gobra, zébu Maure, Djakoré et celles des troupeaux N'Dama ; et entre les vaches des troupeaux N'Dama et Djakoré - zébu Maure. A partir des moyennes estimées de l'intervalle vêlage-vêlage, trois groupes ont été définis : les élevages N'Dama ; les élevages zébu Gobra – zébu Maure et Djakoré - zébu Maure ; et les vaches des troupeaux zébu Gobra, zébu Maure, Djakoré et zébu Gobra - Djakoré.

- Pour la production laitière, les vaches des troupeaux zébu Gobra et zébu Maure génèrent en moyenne 2,7 litres de lait par jour tandis que, la production la plus faible s'observe chez les vaches des élevages N'Dama (1 litre par jour). L'analyse de variance montre que la production moyenne de lait par jour varie de manière très significative en fonction du type d'élevage ($p < 0,0001$). Entre les vaches des troupeaux zébu Gobra, zébu Maure et N'Dama, on note une différence de la production laitière. Trois groupes ont été déterminés en fonction des moyennes estimées de la production laitière les vaches des élevages zébu Gobra et zébu Maure ; les vaches des élevages zébu Gobra - zébu Maure, zébu Gobra - Djakoré, Djakoré, Djakoré - zébu Maure ; et les vaches des élevages N'Dama.

- La durée de lactation a varié en moyenne de 150 jours chez les vaches du troupeau zébu Gobra - Djakoré à $278,6 \pm 89,5$ jours chez celles des élevages Djakoré - zébu Maure. L'analyse de variance montre que le type d'élevage n'a pas d'effet significatif sur la durée de lactation ($p > 0,05$).

Tableau XIII : Moyennes (\pm SD) des paramètres de production et reproduction en fonction du type d'élevage. Elevages bovins: ELDj= troupeaux Djakoré, ElGo= troupeaux zébu Gobra, ElMa= troupeaux zébu Maure, ElNd= troupeaux N'Dama, ElDjMa= troupeaux Djakoré - zébu Maure, ElGoDj= troupeau zébu Gobra - Djakoré, ElGoMa= troupeaux zébu Gobra – zébu Maure ; Paramètres de reproduction : APVEL= âge au premier vêlage, IVV= intervalle vêlage-vêlage; Paramètres de production : PLAIT = production laitière journalière, DLACT= durée de lactation ; n^1 = nombre d'observations pour APVEL et DLACT ; n^2 = nombre d'observations pour IVV ; n^3 = nombre d'observations pour PLAIT ; Les moyennes qui ne sont pas suivies des lettres sur la même ligne ne sont pas significativement différentes ; NS : non significatif, * : $p < 0,05$ (significatif), ** : $p < 0,01$ (très significatif), *** : $p < 0,0001$ (hautement significatif). #Durée de lactation : variant entre 90 et 720 jours.

Types d'élevage	ElGo ($n^1= 14$; $n^2= 09$; $n^3= 14$)	ElMa ($n^1= 18$; $n^2= 15$; $n^3= 18$)	ELDj ($n^1= 14$; $n^2= 09$; $n^3= 14$)	ElNd ($n^1= 18$; $n^2= 12$; $n^3= 09$)	ElGoMa ($n^1= 03$; $n^2= 02$; $n^3= 03$)	ElGoDj ($n^1= 01$; $n^2= 01$; $n^3= 01$)	ElDjMa ($n^1= 07$; $n^2= 04$; $n^3= 07$)	P-value
Paramètres								
APVEL (en mois)	45,8 \pm 7,3 ^a	48,6 \pm 7,7 ^a	48 \pm 6,7 ^a	53 \pm 8,8 ^{ab}	48 \pm 12 ^{ab}	48 ^{ab}	63,4 \pm 21,6 ^b	0,012*
IVV (en jours)	480 \pm 180 ^b	540 \pm 180 ^b	540 \pm 155,9 ^b	900 \pm 242,7 ^a	720 ^{ab}	360 ^{ab}	555 \pm 226,5 ^b	< 0,0001***
PLAIT (en litres/jour)	2,7 \pm 1,5 ^b	2,7 \pm 0,5 ^b	1,8 \pm 0,7 ^{ab}	1 \pm 0,4 ^a	2,6 \pm 1,2 ^{ab}	2 ^{ab}	1,6 \pm 1,2 ^{ab}	< 0,0001***
#DLACT (en jours)	210 \pm 79,8	170 \pm 58,2	235,7 \pm 165,1	269,2 \pm 110,8	160 \pm 17,3	150	278,6 \pm 89,5	0,078 ^{NS}

II.2.4.2. Distribution des intervalles vêlage-vêlage et des durées de lactation des vaches

La figure 34 traduit la distribution en fréquences cumulées des intervalles vêlage-vêlage des vaches des différents types phénotypiques. On note que 55% des vaches zébus Gobra, 50% zébus Maure, 38% Djakoré et 8% N'Dama ont un IVV (intervalle vêlage-vêlage) qui correspond aux normes standards définies dans les fermes laitières industrielles (entre 12 et 13,5 mois). Sur l'ensemble des 52 IVV, 38% seulement ont un intervalle vêlage-vêlage optimal, cependant la majorité présente un IVV supérieur à 24 mois (720 jours).

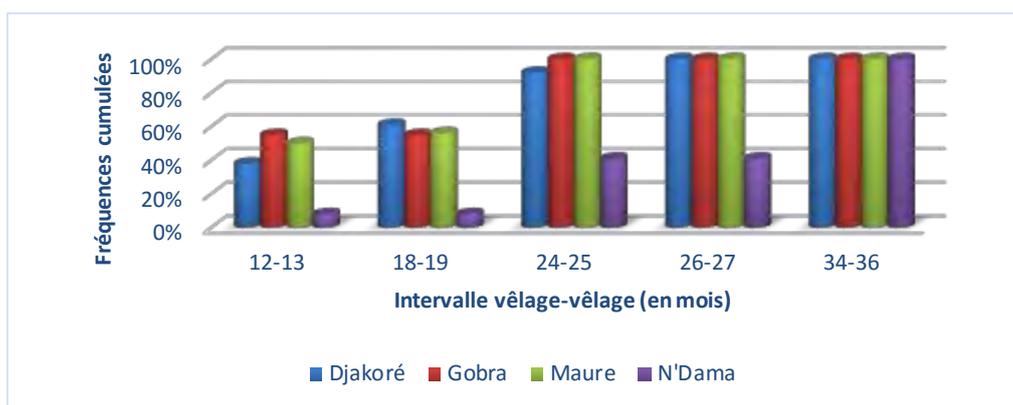


Figure 34 : Distribution en fréquences cumulées des intervalles vêlage-vêlage (en mois) des vaches.

La figure 35 présente la distribution en fréquences cumulées des durées de lactation des vaches. Parmi les 75 lactations, 67% ont une durée de lactation comprise entre 270 et 359 jours (9 et 12 mois) et qui encadre la valeur de référence de 305 jours (environ 10 mois).

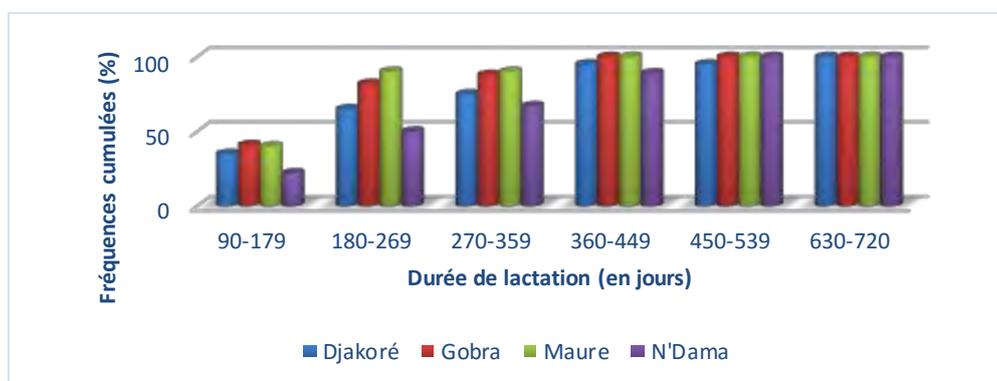


Figure 35 : Distribution en fréquences cumulées des durées de lactation (en jours) des vaches.

II.2.4.3. Effets du type d'exploitation et de la localité sur les performances de production et de reproduction des vaches

Le tableau XIV présente les moyennes des paramètres de reproduction et de production des vaches en fonction du type d'exploitation.

- La production moyenne de lait par jour varie de 0,6 litre chez les vaches élevées dans un centre d'élevage à 3 litres chez la vache en provenance d'une exploitation moderne. Les vaches zébus Gobra et zébus Maure des exploitations traditionnelles produisent quatre fois plus de lait que les celles de la race N'Dama du Centre de Recherches Zootechniques de Kolda (CRZ de Kolda). L'analyse de variance montre que la production des vaches des exploitations traditionnelles et moderne est significativement plus élevée que celles du CRZ de Kolda ($p < 0,05$).

- Pour la durée de lactation, elle passe de $220 \pm 108,3$ jours chez les vaches des exploitations traditionnelles à $295 \pm 154,2$ jours chez les vaches élevées dans un centre d'élevage. Les vaches N'Dama du CRZ de Kolda ont une durée de lactation deux fois plus longue que celle des vaches Djakoré des exploitations traditionnelles. Malgré cette variation, aucune différence significative de la durée de lactation n'a été observée entre vaches de différents types d'exploitation ($p > 0,05$).

- L'âge moyen au premier vêlage varie de 48 mois chez la vache élevée dans une exploitation de type moderne à 60 ± 12 mois chez la vache évoluant dans un centre d'élevage. Les vaches zébus Gobra des exploitations traditionnelles sont plus précoces que les vaches N'Dama du CRZ de Kolda. L'analyse de variance ne montre aucune différence significative de l'âge au premier vêlage selon le type d'exploitation ($p > 0,05$).

- L'intervalle vêlage-vêlage passe de 360 jours chez la vache élevée dans un centre d'élevage à 624 jours chez les vaches des exploitations traditionnelles. L'analyse de variance n'a révélé aucune différence significative de l'intervalle vêlage-vêlage entre vaches de différents types d'exploitation ($p > 0,05$).

Par ailleurs, l'analyse de variance a montré que l'interaction races*types d'exploitation n'a pas eu d'effet sur la production laitière, la durée de lactation, l'âge au premier vêlage et l'intervalle vêlage-vêlage.

Tableau XIV : Moyennes (\pm SD) des paramètres de reproduction et de production des vaches en fonction du type d'exploitation. Les nombres mis entre parenthèses correspondent au nombre d'observations ; NS : $p > 0,05$ (non significatif) ; * : $p < 0,05$ (significatif) ; #Durée de lactation : variant entre 90 et 720 jours.

Types d'exploitation		Centre d'élevage	Moderne	Traditionnel		
Paramètres	Races bovines	Moyenne \pm SD	Moyenne \pm SD	Moyenne \pm SD	Total	P-value
PLAIT (en litres/jour)	Djakoré	-	3 (01)	1,6 \pm 0,6 (19)	1,7 \pm 0,7 (20)	
	Gobra	-	-	2,7 \pm 1,4 (17)	2,7 \pm 1,4 (17)	
	Maure	-	-	2,6 \pm 0,7 (20)	2,6 \pm 0,7 (20)	
	N'Dama	0,6 \pm 0,3 (03)	-	1,2 \pm 0,4 (06)	1 \pm 0,4 (09)	
	Total	0,6 \pm 0,3 (03)	3 (01)	2,2 \pm 1,1 (62)	2,1 \pm 1,1 (66)	0,041*
#DLACT (en jours)	Djakoré	-	210 (01)	246,3 \pm 148,5 (19)	244,5 \pm 144,8 (20)	
	Gobra	-	-	201,2 \pm 74,8 (17)	201,2 \pm 74,8 (17)	
	Maure	-	-	178,5 \pm 69,8 (20)	178,5 \pm 69,8 (20)	
	N'Dama	295 \pm 154,2 (03)	-	264 \pm 106,5 (15)	269,2 \pm 110,8 (18)	
	Total	295 \pm 154,2 (03)	210 (01)	220 \pm 108,3 (71)	223 \pm 109,3 (75)	0,512 ^{NS}
APVEL (en mois)	Djakoré	-	48 (01)	52,4 \pm 13,4 (19)	52,2 \pm 13,1 (20)	
	Gobra	-	-	46,2 \pm 7,9 (17)	46,2 \pm 7,9 (17)	
	Maure	-	-	49,8 \pm 11,2 (20)	49,8 \pm 11,2 (20)	
	N'Dama	60 \pm 12 (03)	-	51,6 \pm 7,8 (15)	53 \pm 8,8 (18)	
	Total	60 \pm 12 (03)	48 (01)	50 \pm 10,6 (71)	50,4 \pm 10,7 (75)	0,281 ^{NS}
IVV (en jours)	Djakoré	-	540 (01)	545 \pm 178,1 (12)	544,6 \pm 170,5 (13)	
	Gobra	-	-	523,6 \pm 188 (11)	523,6 \pm 188 (11)	
	Maure	-	-	528,8 \pm 179,6 (16)	528,8 \pm 179,6 (16)	
	N'Dama	360 (01)	-	949,1 \pm 181,6 (11)	900 \pm 242,7 (12)	
	Total	360 (01)	540 (01)	624 \pm 247,8 (50)	617,3 \pm 245,9 (52)	0,550 ^{NS}

Le tableau XV présente les moyennes de la production laitière et de la durée de lactation selon la localité.

- La production moyenne de lait par jour varie de $0,6 \pm 0,3$ litres chez les vaches du CRZ de Kolda à $4 \pm 1,4$ chez celles de la localité de Wardiakhal. L'analyse de variance montre que la production laitière des vaches des différentes races varie de manière très significative en fonction de la localité ($p < 0,0001$). L'interaction races*localités a eu un effet significatif sur la production moyenne laitière des vaches ($p < 0,05$).

- La durée de lactation varie de 150 jours chez les vaches des localités de Peulh Djeuss et Ndiouguette à 360 jours chez les vaches de Médina Maka et Veliyadembel. L'analyse de variance a montré que l'effet localité et l'interaction races*localités n'ont pas d'influence sur de la durée de lactation des vaches ($p > 0,05$).

Tableau XV : Moyennes (\pm SD) de la production laitière et de la durée de lactation en fonction de la localité. N.obs : nombre d'observations. #Durée de lactation : variant entre 90 et 720 jours.

Paramètres	Races bovines	Localités	Moyenne (SD)	N. obs	Paramètres	Races bovines	Localités	Moyenne (SD)	N.obs	
PLAIT (en litres/jour)	Djakoré	Kabatoki	2 \pm 0	05	#DLACT (en jours)	Djakoré	Kabatoki	156 \pm 25,1	05	
		Koutal Ouolof	1,6 \pm 0,6	11			Koutal Ouolof	283,6 \pm 179,1	11	
		Ndiaffate	0,9 \pm 0,1	03			Ndiaffate	260 \pm 91,6	03	
		Sibassor	3	01			Sibassor	210	01	
		Total	1,7 \pm 0,6	20			Total	244,5 \pm 144,7	20	
	Gobra	Koutal Ouolof	3,2 \pm 1,3	07		Gobra	Koutal Ouolof	222,8 \pm 23,6	07	
		Médina Maka	2	01			Médina Maka	360	01	
		Peulh Djeuss	1,8 \pm 1	07			Peulh Djeuss	150 \pm 17,3	07	
		Wardiakhal	4 \pm 1,4	02			Wardiakhal	225 \pm 190,9	02	
		Total	2,7 \pm 1,3	17			Total	201,1 \pm 74,8	17	
	Maure	Koutal Ouolof	4	01		Maure	Koutal Ouolof	360	01	
		Ndiaffate	0,5	01			Ndiaffate	150	01	
		Ndiouguette	2,5 \pm	06			Ndiouguette	150 \pm 50,2	06	
		Taba Darou Salam	2,7 \pm 0,5	12			Taba Darou Salam	180 \pm 61,3	12	
		Total	2,6 \pm 0,7	20			Total	178,5 \pm 69,8	20	
	N°Dama	CRZ Kolda	0,6 \pm 0,3	03		N°Dama	Cité Régionale	290 \pm 17,3	03	
		Gadapara	1,1 \pm 0,4	06			CRZ Kolda	295 \pm 154,1	03	
		Total	1 \pm 0,4	09			Gadapara	277,5 \pm 129	08	
	Total général	Total général	CRZ Kolda	0,6 \pm 0,3		03	Marawata Baya	170 \pm 34,6	03	
			Gadapara	1,1 \pm 0,4		06	Veliyadembel	360	01	
			Kabatoki	2 \pm 0		05	Total	269,1 \pm 110,8	18	
			Koutal Ouolof	2,3 \pm 1,3		19	Total général	Cité régionale	290 \pm 17,3	03
			Médina Maka	2		01		CRZ Kolda	295 \pm 154,1	03
			Ndiaffate	0,8 \pm 0,2		04		Gadapara	277,5 \pm 129	08
			Ndiouguette	2,5 \pm 0		06		Kabatoki	156 \pm 25,1	05
			Peulh Djeuss	1,8 \pm 1		07		Koutal Ouolof	265,2 \pm 139,3	19
			Sibassor	3		01		Marawata Baya	170 \pm 34,6	03
Taba Darou Salam			2,7 \pm 0,5	12	Médina Maka	360		01		
Wardiakhal			4 \pm 1,4	02	Ndiaffate	232,5 \pm 92,8		04		
Total			2,1 \pm 1,1	66	Ndiouguette	150 \pm 50,2		06		
					Peulh Djeuss	150 \pm 17,3		07		
					Sibassor	210		01		
			Taba Darou Salam	180 \pm 61,3	12					
			Veliyadembel	360	01					
			Wardiakhal	225 \pm 190,9	02					
			Total	223 \pm 109,3	75					

Le tableau XVI présente les moyennes de l'âge au premier vêlage et de l'intervalle vêlage-vêlage des vaches en fonction de la localité.

- Les vaches de Médina Maka sont les plus précoces avec un âge moyen au premier vêlage de 36 mois tandis que les vaches issues de Ndiaffate sont les plus tardives avec un âge moyen au premier vêlage de $78 \pm 15,4$ mois. L'analyse de variance montre que la localité a un effet significatif sur l'âge au premier vêlage ($p < 0,0001$). Cependant, l'interaction races*localités n'a eu aucune influence sur l'âge au premier vêlage ($p > 0,05$).

- L'intervalle vêlage-vêlage varie de 360 jours chez les vaches originaires des localités de Wardiakhal et du CRZ de Kolda à 1080 jours chez les vaches en provenance de Marawata Baya. L'analyse de variance révèle que l'intervalle vêlage-vêlage varie significativement selon la localité ($p < 0,01$). Cependant, l'interaction races*localités n'a eu aucun effet sur l'intervalle vêlage-vêlage.

Tableau XVI : Moyennes (\pm SD) de l'âge au premier vêlage et de l'intervalle vêlage-vêlage en fonction de la localité. N.obs : nombre d'observations.

Paramètres	Races bovines	Localités	Moyenne (\pm SD)	N.obs	Paramètres	Races	Localités	Moyenne (SD)	N.obs
APVEL (en mois)	Djakoré	Kabatoki	48 \pm 0	05	IVV (jours)	Djakoré	Kabatoki	600 \pm 103,9	03
		Koutal Ouolof	48 \pm 7,5	11			Koutal Ouolof	514, 2 \pm 192,4	07
		Ndiaffate	76 \pm 18,3	03			Ndiaffate	570 \pm 296,9	02
		Sibassor	48	01			Sibassor	540	01
		Total	52,2 \pm 13	20			Total	544,6 \pm 170,5	13
	Gobra	Koutal Oolof	47,1 \pm 5,3	07		Gobra	Koutal Ouolof	462,8 \pm 175,6	07
		Médina Maka	36	01			Peulh Djeuss	720 \pm 0	03
		Peulh Djeuss	44,5 \pm 09	07			Wardiakhal	360	01
		Wardiakhal	54 \pm 8,4	02			Total	523,6 \pm 188	11
		Total	42,2 \pm 8	17			Maure	Koutal Ouolof	360
	Maure	Koutal Ouolof	36	01		Ndiouguette		600 \pm 185,9	06
		Ndiaffate	84	01		Taba Darou Salam		500 \pm 174,9	09
		Ndiouguette	44 \pm 6,1	06		Total		528,7 \pm 179,6	16
		Taba Darou Salam	51 \pm 7,4	12		N°Dama		Cité Régionale	720 \pm 0
		Total	49,8 \pm 11,2	20			CRZ Kolda	360	01
	N°Dama	Cité Régionale	46 \pm 3,4	03			Gadapara	1020 \pm 146,9	06
		CRZ Kolda	60 \pm 12	03			Marawata Baya	1080 \pm 0	02
		Gadapara	51 \pm ,5	08			Total	900 \pm 242,7	12
		Marawata Baya	56 \pm 13,8	03		Total général	Cité Régionale	720 \pm 0	03
		Veliyadembel	60	01			CRZ Kolda	360	01
	Total	53 \pm 8,7	18	Gadapara			1020 \pm 146,9	06	
	Total général	Cité Régionale	46 \pm 3,4	03			Kabatoki	600 \pm 103,9	03
		CRZ Kolda	60 \pm 12	03			Koutal Ouolof	480 \pm 175,6	15
		Gadapara	51 \pm 5,5	08			Marawata Baya	1080 \pm 0	02
		Kabatoki	48 \pm 0	05			Ndiaffate	570 \pm 296,9	02
Koutal Ouolof		47 \pm 7	19	Ndiouguette	600 \pm 185,9		06		
Marawata Baya		56 \pm 13,8	03	Peulh Djeuss	720 \pm 0		03		
Médina Maka		36	01	Sibassor	540		01		
Ndiaffate		78 \pm 15,4	04	Taba Darou Salam	500 \pm 174,9		09		
Ndiouguette		44 \pm 6,1	06	Wardiakhal	360		01		
Peulh Djeuss		44,5 \pm 9	07	Total	617,3 \pm 245,9	52			
Sibassor		48	01						
Taba Darou Salam		51 \pm 7,4	12						
Veliy adembel	60	01							
Wardiakhal	54 \pm 8,4	02							
Total	50,4 \pm 10,6	75							

II.2.5. Effets des facteurs environnementaux fixes sur les performances de production et de reproduction des vaches par analyse de variance univariée

Le tableau XVII présente les résultats de l'analyse de variance des effets des facteurs environnementaux fixes sur la production laitière, la durée de lactation, l'âge au premier vêlage et l'intervalle vêlage-vêlage des vaches locales élevées au Sénégal.

*Tableau XVII : Analyse de variance des moindres carrés de la production laitière, de la durée de lactation, de l'âge au premier vêlage et de l'intervalle vêlage-vêlage des vaches locales en fonction des facteurs environnementaux fixes. MSC : moyenne de la somme des carrés ; R² : coefficient de détermination ; * : p < 0,05 = significatif.*

Sources de variation	Production laitière MSC (R ²)	Durée de lactation MSC (R ²)	Age au premier vêlage MSC (R ²)	Intervalle vêlage-vêlage MSC (R ²)
Année de naissance	-	-	306,888* (36,4)	-
Année de vêlage	0,891(2,3)	340366,981* (77)	8,461 (0,2)	6171,538 (0,4)
Age au vêlage	1,103 (12,7)	-	75952,597 (22)	75952,597 (22)
Mois de vêlage	1,201 (16,9)	53823,877* (60,8)	111,712 (13,3)	48962,308 (15,9)
Parité de vêlage	1,173 (9)	15804,976 (10,7)	295,942* (21,1)	8266,154 (1,3)
Saison de vêlage	0,008 (0)	2472,874 (0,3)	66,009 (0,8)	22994,505 (0,7)
Saison de lactation	0,434 (0,6)	1358 ,873 (1,5)	-	-
Stade de lactation	0,952 (2,4)	226533,807* (51,2)	-	-

*p < 0,05 : significatif.

Le tableau XVIII présente les moyennes des moindres carrés (\pm SE) de la production laitière journalière en fonction des facteurs environnementaux. L'analyse de variance univariée montre que les facteurs environnementaux fixes n'ont pas d'effets sur la production moyenne laitière journalière ($p > 0,05$) (Tableau XVII).

Tableau XVIII : Moyennes des moindres carrés ($\pm SE$) de la production laitière en fonction des facteurs environnementaux. NS : non significatif ($p > 0,05$). Saison sèche : novembre-mai ; Saison des pluies : juin-octobre ; Début : trois premiers mois après vêlage ; Milieu : 3-6 mois après vêlage ; Fin : 6 mois après vêlage.

Sources de variation	Production laitière (en litres/jour)		
	N. obs.	Moyenne	Erreur-type ($\pm SE$) ³
Age au vêlage (actuel, en mois) ^{NS}			
36-48	11	2,09	0,33
49-61	12	1,6	0,31
62-74	11	2,16	0,33
75-87	13	2,46	0,30
88-100	07	2,53	0,41
101-113	01	1	1,1
114-126	07	2,57	0,41
140-152	02	2	0,78
153-165	01	2	1,1
> 166	01	1	1,1
Année de vêlage ^{NS}			
2011	01	1	1,1
2012	13	2	0,3
2013	52	2,2	0,15
Mois de vêlage ^{NS}			
Août	04	2	0,5
Avril	03	1,75	0,62
Décembre	05	1,6	0,48
Février	03	1,66	0,62
Janvier	01	4	1,08
Juillet	08	2,12	0,38
Juin	08	1,68	0,38
Mai	19	2,1	0,24
Mars	05	2,8	0,48
Novembre	02	2,5	0,76
Octobre	08	2,75	0,38
Saison de vêlage ^{NS}			
Saison sèche	38	2,16	0,20
Saison des pluies	28	2,13	0,17
Parité de vêlage ^{NS}			
Premier	21	1,8	0,24
Deuxième	21	2,18	0,24
Troisième	12	2,45	0,31
Quatrième	06	2,75	0,44
Cinquième	02	2	0,77
Sixième	02	2,5	0,77
Septième	02	1,5	0,77
Saison de lactation ^{NS}			
Saison sèche	35	2,07	1,18
Saison des pluies	31	2,23	1,19
Stade de lactation ^{NS}			
Début	06	2,66	0,44
Milieu	30	2,14	0,20
Fin	30	2,05	0,20

³ Standard Error.

Le tableau XIX présente les moyennes des moindres carrés (\pm SE) de la durée de lactation en fonction des facteurs environnementaux. L'analyse de variance révèle que l'année de vêlage a contribué significativement pour 77% sur la variation totale de la durée moyenne de lactation ($p < 0,05$) (Tableau XVII). Les vaches ayant vêlé en 2013 ont eu une durée de lactation plus courte ($177,83 \pm 6,92$ jours) que celles ayant mises bas en 2012 et 2011 ($367,53 \pm 13,73$ et $720 \pm 53,20$, respectivement) (Tableau XIX). Le mois de vêlage a eu également un effet significatif sur la variation totale de la durée moyenne de la lactation ($p < 0,05$) avec une contribution de 60,8%. Les vaches ayant vêlé au mois de juillet ont une durée de lactation plus courte que celles ayant mis bas aux mois de décembre, février, novembre et octobre. Par ailleurs, le stade de lactation a influencé significativement la durée de lactation avec une contribution de 51,2% de la variation totale ($p < 0,05$) (Tableau XVII). Les vaches en fin de lactation ont une durée plus longue ($302,91 \pm 12,2$) que celles en début et en milieu ($156,36 \pm 13,47$ et $110 \pm 31,6$, respectivement) (Tableau XIX). Ainsi, l'effet du stade de lactation a divisé les lactations en deux groupes à savoir : les lactations en début (trois premiers mois après vêlage) et en milieu (entre 3 et 6 mois après vêlage) d'une part et les lactations après 6 mois de vêlage d'autre part. Cependant, la saison de vêlage, la parité de vêlage et la saison de lactation n'ont pas eu d'influence sur la durée de lactation ($p > 0,05$).

Le tableau XX présente les moyennes des moindres carrés (\pm SE) de l'âge au premier vêlage en fonction des facteurs environnementaux. L'analyse de variance révèle que l'année de naissance a influencé significativement l'âge au 1^{er} vêlage ($p < 0,05$) ; sa contribution sur la variation totale de ce trait est de 36,4% (Tableau XVII). Ainsi, les vaches nées entre 1997, 2000, 2001, 2003, 2005, 2006, 2007, 2008, 2009 et 2010 ont été plus précoces au 1^{er} vêlage (Tableau XX). Cependant, l'année de vêlage, le mois de vêlage et la saison de vêlage n'ont pas affecté significativement l'âge moyen au premier vêlage ($p > 0,05$). Par contre, il est à noter que la parité de vêlage a eu une influence positive sur l'âge au 1^{er} vêlage avec une contribution de 21,1% sur la variation totale ($p < 0,05$) (Tableau XVII). Les vaches qui en sont à leur deuxième et troisième vêlage ont vêlé plutôt que celles qui en sont à leur premier vêlage (Tableau XX).

Tableau XIX : Moyennes des moindres carrés (\pm SE) de la durée de lactation en fonction des facteurs environnementaux. Les valeurs moyennes qui ne sont pas suivies des mêmes lettres sont significativement différentes ($p < 0,05$). NS : non significatif ($p > 0,05$) ; Saison sèche : novembre-mai ; Saison des pluies : juin-octobre ; Début : trois premiers mois après vêlage ; Milieu : 3-6 mois après vêlage ; Fin : 6 mois après vêlage.
#Durée de lactation : variant entre 90 et 720 jours.

Sources de variation	#Durée de lactation (en jours)		
	N. obs.	Moyenne	Erreur-type
Année de vêlage			
2011	01	720 a	53,20
2012	15	367,53 b	13,73
2013	59	177,83 c	6,92
Mois de vêlage			
Août	05	250,6 ad	32,89
Avril	03	190 abc	42,47
Décembre	06	340 cd	30,03
Février	05	264 bd	32,89
Janvier	01	270 ad	73,56
Juillet	11	125,45 a	22,17
Juin	08	150 ab	26
Mai	20	178,1 ab	16,44
Mars	06	220 abc	30
Novembre	02	360 cd	52,01
Octobre	08	386,25 d	26
Saison de vêlage^{NS}			
Saison sèche	43	227,95	16,76
Saison des pluies	32	216,34	19,43
Parité de vêlage^{NS}			
Premier	23	234,17	22,47
Deuxième	25	248,36	21,55
Troisième	13	175,38	29,88
Quatrième	06	165	43,99
Cinquième	03	270	62,21
Sixième	03	160	62,21
Septième	02	285	76,20
Saison de lactation^{NS}			
Saison sèche	44	211,70	16,46
Saison des pluies	31	239,03	19,61
Stade de lactation			
Début	06	110 a	31,6
Milieu	33	156,36 a	13,47
Fin	36	302,91 b	12,9

Tableau XX : Moyennes des moindres carrés (\pm SE) de l'âge au premier vêlage en fonction des facteurs environnementaux. Les valeurs moyennes qui ne sont pas suivies des mêmes lettres sont significativement différentes ($p < 0,05$). NS : non significatif ($p > 0,05$). Saison sèche : novembre-mai ; Saison des pluies : juin-octobre.

Sources de variation	Age au premier vêlage (en mois)		
	N. obs.	Moyenne	Erreur-type
Année de Naissance			
1997	03	48 a	5,28
2000	01	48 a	9,14
2001	02	48 a	6,46
2003	08	47,25 a	3,23
2004	01	96 b	9,14
2005	08	46,5 a	3,23
2006	19	51,78 a	2,09
2007	14	55,28 a	2,44
2008	10	46,8 a	2,89
2009	08	48 a	3,23
2010	01	36 a	9,14
Année de vêlage^{NS}			
2011	01	48	10,8
2012	15	51,2	2,79
2013	59	50,23	1,4
Mois de vêlage^{NS}			
Août	05	50,4	4,77
Avril	03	52	6,16
Décembre	06	54	4,36
Février	05	60	4,77
Janvier	01	48	10,68
Juillet	11	51,27	3,22
Juin	08	45	3,77
Mai	20	51	2,38
Mars	06	45	4,36
Novembre	02	42	7,55
Octobre	08	50,25	3,77
Saison de vêlage^{NS}			
Saison sèche	43	51,2	1,63
Saison des pluies	32	49,31	1,89
Parité de vêlage			
Premier	23	57,39 a	2,06
Deuxième	25	48,24 b	1,97
Troisième	13	45,23 b	2,74
Quatrième	06	49 ab	4,03
Cinquième	03	48 ab	5,7
Sixième	03	48 ab	5,7
Septième	02	42 ab	6,99

Le tableau XXI présente les moyennes des moindres carrés de l'intervalle vêlage-vêlage en fonction des facteurs environnementaux. L'analyse de variance montre que l'âge au vêlage, l'année de vêlage, le mois de vêlage, la saison de vêlage et la parité de vêlage n'ont pas eu d'effets sur l'intervalle vêlage-vêlage ($p > 0,05$) (Tableau XVII).

Tableau XXI : Moyennes des moindres carrés ($\pm SE$) de l'intervalle vêlage-vêlage en fonction des facteurs environnementaux. NS : non significatif ($p > 0,05$). Saison sèche : novembre-mai ; Saison des pluies : juin-octobre.

Sources de variation	Intervalle vêlage-vêlage (en mois)		
	N. obs.	Moyenne	Erreur-type
<u>Age au vêlage (actuel, en mois) ^{NS}</u>			
36-48	02	360	169,04
49-61	04	540	119,53
62-74	11	589,09	72,08
75-87	13	595,38	66,30
88-100	07	651,42	90,35
101-113	01	360	239,06
114-126	08	607,5	84,52
140-152	02	810	169,04
153-165	01	720	239,06
>166	03	960	138,02
<u>Année de vêlage ^{NS}</u>			
2011	01	720	250,37
2012	06	600	102,21
2013	45	617,33	37,32
<u>Mois de vêlage ^{NS}</u>			
Août	04	810	125,77
Avril	03	740	145,23
Décembre	01	720	251,55
Février	04	540	125,77
Janvier	01	720	251,55
Juillet	06	630	102,69
Juin	05	720	112,49
Mai	15	600	64,95
Mars	06	510	102,69
Novembre	01	720	251,55
Octobre	06	480	102,69
<u>Saison de vêlage ^{NS}</u>			
Saison sèche	31	600	44,43
Saison des pluies	21	642,85	53,99
<u>Parité de vêlage ^{NS}</u>			
Deuxième	25	636	51,43
Troisième	13	609,23	71,33
Quatrième	06	570	104,99
Cinquième	03	660	148,48
Sixième	03	600	148,48
Septième	02	540	181,85

II.3. Discussion

II.3.1. Structure phénotypique des races locales

II.3.1.1. Caractères discriminants et classification des types phénotypiques

L'analyse factorielle discriminante a révélé que la position de la bosse, la forme de la bosse, les couleurs de la robe et les patrons pigmentaires sont les caractères clés qui ont permis de discriminer au mieux les races locales élevées dans les zones agro-écologiques de la Vallée du fleuve Sénégal, du Sud du Bassin Arachidier et du Sénégal Oriental/Haute Casamance. La position de la bosse et la forme de la bosse avec des contributions respectives de 0,959 et 0,894, ont permis de distinguer les vaches N'Dama de celles des races zébu Gobra, zébu Maure et Djakoré. Donc, les vaches N'Dama proviendraient de la lignée taurine sans bosse. Les couleurs de la robe et les patrons pigmentaires avec des contributions respectives de 0,488 et 0,355, ont permis d'identifier zébu Maure des races zébu Gobra et Djakoré. En effet, la couleur de la robe est généralement blanche chez zébu Gobra et Djakoré, alors qu'elle est habituellement de couleur brunâtre chez zébu Maure. Les couleurs de la robe constituent ainsi un caractère fondamental qui assume que Djakoré ressemble phénotypiquement plus au zébu Gobra qu'au zébu Maure. D'après N'Goran *et al.* (2008), le format de l'animal et les couleurs de la robe constituent les caractères clés dans la distinction des vaches en élevage laitier. Selon la variabilité exprimée par les axes F₁ et F₂, la diversité phénotypique trouvée parmi les animaux paraît être une variabilité entre individus plus tôt qu'une variabilité entre races.

Selon la classification des types phénotypiques, N'Dama avec 100% des vaches correctement classées est l'une des races les plus homogènes. On peut alors considérer que tous les animaux échantillonnés comme étant de la race N'Dama se ressemblent phénotypiquement, si bien que cette race semble moins affectée par les croisements non contrôlés. Ce qui pourrait expliquer certainement la stabilité de la race N'Dama, d'autant plus qu'elle est pratiquement isolée des autres races par rapport à sa distribution géographique. Conformément aux études de Yapi-Gnaoré *et al.* (1996) et Sokouri *et al.* (2007), la race N'Dama de la Côte d'Ivoire a été considérée telle une population homogène car moins affectée par les croisements anarchiques. Par ailleurs, l'enquête réalisée sur l'environnement de production des races bovines a révélé que 56% des troupeaux N'Dama ne pratiquent pas la transhumance saisonnière. Cependant, le reste des troupeaux transhumant tous les ans entre les mois de juin et juillet n'excédait pas un rayon de 30 km du département de Kolda lequel constitue l'aire de dispersion de la race N'Dama et occasionnellement celle du Djakoré. Partant de ces constats, la race N'Dama de la Haute Casamance pourrait être considérée comme une race ayant retenu certains de ses traits

de pureté vu l'homogénéité des caractères partagés par ses individus et l'isolation des élevages.

Avec 100% des vaches bien classées, Djakoré apparaît également comme une race homogène. Cependant, aucune des vaches Djakoré n'a été classée parmi les races zébu Gobra ou N'Dama, bien que la race Djakoré est supposée résulter du croisement naturel entre zébu Gobra et N'Dama (Broutin *et al.*, 2000). Vu l'homogénéité de cette race, on supposerait que Djakoré aurait acquis au cours du temps des caractères qui lui sont propres. Malgré la pression des croisements non contrôlés qui sévissent dans le Sud du Bassin Arachidier, Djakoré est devenue une race stabilisée. Cela prouve que les caractères que Djakoré a hérités de ces deux parents ont évolué progressivement pour devenir constants et ont favorisé les conditions d'adaptation et de développement de cette race dans son environnement de production local. Contrairement au Djakoré, la race Méré de la région nord de la Côte d'Ivoire (Korhogo) a été considéré comme une race nouvellement fixée (Sokouri *et al.*, 2007). Par ailleurs, il s'avère que les agro-éleveurs du Sud du Bassin Arachidier préfèrent mieux cette race à cause de son format qui est compatible à la traction (Touré, 1977). Effectivement, les enquêtes ont révélé que chez 22% des troupeaux Djakoré, les vaches étaient utilisées pour la production laitière et les travaux agricoles.

Les vaches Gobra ont été correctement classées dans 94,12% des cas. Cependant, 5,88% des individus qui se trouvent incorrectement classés chez la race Djakoré, montrent que zébu Gobra présente en son sein une hétérogénéité phénotypique ; et par conséquent sont sujettes aux croisements incontrôlés. D'ailleurs, quelques éleveurs du Sud du Bassin Arachidier ont tendance à confondre les bovins zébus Gobra de ceux Djakoré à cause de la ressemblance des deux phénotypes. Une continuité de ces accouplements anarchiques dans cette zone pourrait mettre en danger zébu Gobra au profit du Djakoré.

Chez zébu Maure, 95% des cas ont été correctement classés ; toutefois, 5% ont été incorrectement classés dans la race zébu Gobra. Les bovins zébus Maure se trouvent également concernés par la reproduction non surveillée dans le Sud du Bassin Arachidier et dans la Vallée du Fleuve Sénégal. Les investigations menées dans cette étude ont montré que 67% des troupeaux zébus Maure ne pratiquent pas la transhumance. Néanmoins, 75% des troupeaux zébu Gobra - zébu Maure qui se déplacent tous les ans à Debi (localité située près du parc de Djoudj, dans le département de Saint-Louis) croisent régulièrement des troupeaux des mêmes races. En effet, les bovins zébus Gobra et zébus Maure se reproduisent souvent sans aucun contrôle dès lors qu'ils soient élevés dans les mêmes troupeaux et les mêmes environnements de production. Ces croisements intenses notés entre ces deux races pourraient favoriser la

disparition de certains de leurs caractères spécifiques qui permettaient de les distinguer car elles appartiennent à la même sous-espèce. Partant de ces constants, on pourrait supposer qu'au sein des races zébu Gobra et zébu Maure, tous les individus ne partagent pas les mêmes caractères phénotypiques standards qui caractérisaient ces races d'où le classement incorrect de certains animaux décelé par l'analyse factorielle discriminante.

II.3.1.2. Typologie des vaches

La corrélation entre variables par l'analyse factorielle des correspondances multiples a permis d'identifier deux groupes phénotypiques de vaches. Ces groupes sont différenciés principalement par leur format, les couleurs de leur robe et leur production laitière. Les animaux du groupe phénotypique I, caractérisés par une bosse de taille et de forme variables, une couleur unique de la robe et une assez bonne production laitière variant entre 2 et 4 litres voire supérieure à 4 litres, appartiennent aux races zébu Gobra, zébu Maure et Djakoré. Les animaux du groupe II qui se distinguent par l'absence de bosse, des couleurs composées de la robe et une faible production laitière inférieure à 2 litres, correspondent aux vaches N'Dama. D'après la classification et la typologie des vaches, ces deux groupes correspondraient aux phénotypes zébu et taurin. En accord à nos résultats, nous émettons l'hypothèse selon laquelle, les races bovines locales élevées au Sénégal constitueraient au niveau phénotypique, trois groupes que sont : Djakoré, zébus (Gobra – Maure) et N'Dama. D'après cette classification, nous posons la question à savoir si l'existence de ces trois groupes ne serait – elle pas liée à la structure génétique actuelle de ces populations?

II.3.2. Appréciation des traits d'importance économique des vaches et effets des facteurs environnementaux fixes

II.3.2.1. Paramètres de production

➤ Production laitière

La production moyenne laitière des vaches locales est de $2,1 \pm 1,1$ litres par jour. D'après les études de Mondal *et al.* (2005), la production laitière moyenne des vaches du Bangladesh (races métisses et locales) régulièrement alimentées de résidus de récolte mais souvent limitées pour le pâturage pouvait atteindre en moyenne 2,9 litres par jour. Le rendement laitier journalier des vaches zébus Gobra et zébus Maure ($2,7 \pm 1,4$ et $2,6 \pm 0,7$ litres, respectivement) est significativement supérieur à celui des vaches Djakoré et N'Dama ($1,7 \pm 0,7$ et $1 \pm 0,4$ litres, respectivement). La production laitière est donc relativement liée au phénotype de l'animal. Là, nous ne pouvons pas absolument prétendre l'effet de l'alimentation

du moment que plus de 56% des troupeaux zébu Gobra, zébu Maure, Djakoré, zébus Gobra – zébu Maure et zébu Gobra - Djakoré sont régulièrement conduits en mode pâturage ; hormis 50% des élevages Djakoré - zébu Maure, qui, en plus du pâturage, nourrissent leurs animaux avec des résidus de récolte et des aliments de bétail industrialisés. Dans cette étude, si bien que les vaches zébus Gobra se montrent meilleures productrices parmi les vaches locales ; cependant leur production reste faible devant les 4,8 litres de lait/jour produits par les zébus tropicaux (Bunaji) du Nigéria en élevage semi-intensif (Kanai *et al.*, 2013).

L'analyse de l'effet du type d'exploitation sur la production laitière montre que les vaches élevées dans des exploitations traditionnelles et moderne ont un rendement supérieur (2,2 et 3 litres) à celles du Centre de Recherches Zootechniques de Kolda (0,6 litre). Cette différence pourrait être liée à la complémentation alimentaire car les vaches du CRZ de Kolda évoluent dans un système agropastoral et sont complétementées par des concentrés à la différence de celles des exploitations traditionnelles et moderne qui sont en général complétementées en plus des concentrés par des aliments industrialisés.

En général, les races bovines locales d'Afrique sont caractérisées par un potentiel génétique laitier relativement faible, car elles ont développé des traits relatifs à la résistance aux maladies, à la chaleur et à la capacité d'absorber de la nourriture de mauvaise qualité. Cependant, cette adaptation à l'environnement naturel n'offre pas à ces races l'opportunité d'être sélectionnées pour une bonne production laitière. Ce faible potentiel génétique pour la production constitue ainsi un facteur limitant qui pourrait être levé par des croisements orientés basés sur une sélection moléculaire des génotypes pourvus des meilleurs variants de production (surtout pour le rendement laitier, la qualité du lait et les aptitudes fromagères).

➤ **Durée de lactation**

Chez les vaches locales élevées majoritairement dans un système agropastoral, la lactation dure en moyenne de $223 \pm 109,3$ jours. La valeur estimée de la durée de lactation est plus faible que la valeur standard (305 jours) laquelle est désirable pour une production laitière rentable (Kumar *et al.*, 2014). Selon les estimations de Mondal *et al.* (2005), la durée de lactation en élevage semi-intensif des vaches du Bangladesh (races locales et métisses) est légèrement plus longue avec une moyenne de $256,91 \pm 38,83$ jours. La durée de lactation des vaches zébus Maure est plus courte ($178,5 \pm 69,8$ jours) que celle des vaches N'Dama ($269,2 \pm 110,8$ jours). Cette différence pourrait être liée à l'alimentation et non à la conduite sanitaire d'autant plus que les investigations menées dans cette étude ont montré que les troupeaux N'Dama avaient un suivi sanitaire plus régulier que les élevages zébu Maure. Hors, d'après

Leye (2012), l'alimentation constitue un important facteur pour l'entretien et la production des vaches, car elle apporte tous éléments énergétiques, protéiques et minéraux dont elles ont besoin.

La durée de lactation des vaches locales est significativement influencée par l'année de vêlage. Les vaches ayant vêlé en 2013 ($177,83 \pm 6,92$ jours) présentent une durée de lactation plus courte que celles ayant mises bas en 2012 ($367,53 \pm 13,73$ jours) et 2011 ($720 \pm 53,20$). Ces différences pourraient être liées aux variations climatiques d'une année à l'autre. Des variations similaires liées à l'année ont été observées chez les bovins Girolando du Benin (Doko *et al.*, 2012). D'autre part, le mois de vêlage et le stade de lactation ont contribué significativement pour 60,8% et 51,2%, respectivement sur la variation des lactations.

II.3.2.2. Paramètres de reproduction

➤ Age au premier vêlage

Le premier vêlage chez les vaches locales élevées dans différents types d'exploitation survient à $50,4 \pm 10,7$ mois en moyenne. L'analyse de variance n'a révélé aucune différence significative de l'âge moyen au premier vêlage entre les races locales, et par conséquent, en milieu paysan, l'âge au premier vêlage apparaît tardivement. Bien que le premier vêlage intervient tardivement, toutefois, il est dans l'intervalle de la norme établie chez les bovins (26-60 mois) (Amin *et al.*, 2013). Contrairement à nos résultats, Sokouri *et al.* (2010) ont montré que les vaches N'Dama et Baoulé de la Côte d'Ivoire ont été plus précoces que le Zébu en milieu traditionnel avec un âge moyen au premier vêlage de 40 mois et 50 mois, respectivement.

Par ailleurs, l'analyse de variance montre que les vaches des élevages zébu Gobra, zébu Maure et Djakoré ont été significativement plus précoces au premier vêlage (45,8 ; 48,6 et 48 mois, respectivement) que celles des troupeaux Djakoré - zébu Maure (63,4 mois). Ces différences dans le cas de cette présente étude pourraient être liées à l'alimentation car les animaux des troupeaux Djakoré - zébu Maure sont uniquement complétés par des aliments de bétail industrialisés alors que les autres troupeaux sont complétés en plus par des concentrés. D'après les travaux de Sokouri *et al.* (2010), une différence dans la conduite alimentaire pourrait influencer l'âge au premier vêlage. D'ailleurs, il a été démontré par plusieurs auteurs que la variation de l'âge au premier vêlage pouvait être liée aux conduites alimentaires ou l'état sanitaire des animaux. Ceci supporte le concept selon laquelle une bonne alimentation dès la naissance pourrait favoriser un âge précoce au premier vêlage. Or, des études antérieures ont montré que la gestion de l'alimentation et l'état sanitaire déterminent le taux de croissance pré-pubertaire et le développement de la reproduction (Amin *et al.*, 2013).

L'analyse des moyennes des moindres carrés a montré que l'année de naissance a eu un effet significatif sur l'âge au premier vêlage, ce qui confirme les résultats obtenus par Doko *et al.* (2012). La variabilité de l'âge au premier vêlage entre les années de naissance pourrait s'expliquer par le fait que la croissance des génisses n'est pas uniforme et par conséquent, elles ne sont pas mises à la reproduction au même âge. En plus, les caractéristiques de l'alternance des saisons climatiques en élevage tropical peuvent expliquer ce phénomène. L'analyse de variance a également montré l'effet significatif de la parité de vêlage et donc, un âge au vêlage court promet une longue carrière reproductive.

➤ **Intervalle vêlage-vêlage**

L'intervalle moyen entre deux vêlages (IVV) des vaches locales est de $617,3 \pm 245,9$ jours soit $20,6 \pm 8,2$ mois. L'analyse de variance a montré que les vaches zébus Gobra ($523,6 \pm 188$ jours), zébus Maure ($528,8 \pm 179,6$ jours) et Djakoré ($544,6 \pm 170,5$) ont un intervalle vêlage-vêlage plus court que celui des vaches N'Dama ($900 \pm 242,7$ jours). Contrairement aux résultats de Sokouri *et al.* (2010), la vache N'Dama en milieu paysan présentait un intervalle vêlage-vêlage plus court (428 jours) que le Zébu (474 jours). Ces variations de l'intervalle vêlage-vêlage pourraient être dues aux effets génétiques, environnementaux, alimentaires ou aux différentes pratiques d'élevage (Mondal *et al.*, 2005 ; Sokouri *et al.*, 2010). Selon Amin *et al.* (2013), la variabilité de l'intervalle vêlage-vêlage peut être également due au nombre de services par conception, à la durée de la cyclicité *post-partum* et la durée entre un vêlage et la conception suivante. Les intervalles vêlage-vêlage de cette étude et plus particulièrement chez les vaches N'Dama sont généralement plus élevés que l'intervalle de 12 mois attendu dans les fermes commerciales laitières (Tadesse *et al.*, 2010 ; Amin *et al.*, 2013). Selon Weldeklasse *et al.* (2012), l'intervalle vêlage-vêlage devrait varier entre 12 et 13 mois chez les bovins afin de maximiser l'efficacité et la rentabilité de la reproduction dans les élevages laitiers. Les longs intervalles vêlage-vêlage sont généralement associés à une mauvaise détection des chaleurs et aux mauvaises conduites alimentaires. Effectivement, les investigations de cette étude ont montré que chez 50% et 67% des élevages zébu Gobra et N'Dama respectivement, la nourriture est souvent limitée.

Par ailleurs, la distribution en fréquences cumulées des intervalles vêlage-vêlage selon la race montre que 38% des vaches ont un intervalle vêlage-vêlage optimal (12 à 13,5 mois), et donc la majorité présente un IVV supérieur à 720 jours. Des résultats comparables ont été obtenus chez les vaches Holstein Frisonne en Ethiopie (Tadesse *et al.*, 2010). Chez les vaches locales élevées au Sénégal, la période entre un vêlage et une nouvelle conception dure

longtemps ; ceci pourrait être majoritairement lié au génotype de l'animal, au type d'élevage, à l'alimentation et au suivi de la reproduction (Amin *et al.*, 2013).

Conclusion partielle

Les principaux caractères discriminants ont permis d'identifier quatre types phénotypiques que sont zébu Gobra, zébu Maure, Djakoré et N'Dama. Par la classification et la typologie des vaches, deux groupes phénotypiques ont été distingués : zébu et taurin. Les éléments clés de cette étude sont d'une part que Djakoré est phénotypiquement plus proche du zébu Gobra que de N'Dama ; et d'autre part, elle est devenue une race homogène stabilisée dans le Sud du Bassin Arachidier. Ainsi, il y a eu une émergence du Djakoré de l'élevage bovin du Sénégal dont certains de ses caractères restent encore ignorés. Cependant, est-il prématuré de s'inquiéter des conséquences observées de la reproduction non contrôlée dans la Vallée du Fleuve Sénégal et le Sud du Bassin Arachidier, dont les plus exposés restent les zébus Gobra et Maure? Ou plutôt, faut-il les impliquer dans la conservation des ressources génétiques animales pour améliorer leurs conditions de gestion?

Du point de vue général, l'appréciation des traits d'importance économique fait état d'une faible production laitière des races locales. En accord avec nos résultats, les vaches zébus Gobra et Maure constitueraient les meilleurs génotypes pour l'amélioration du potentiel génétique des vaches locales dans les zones d'excellence à vocation agropastorale du Sénégal. Afin de développer un élevage laitier rationnel face aux exigences socio-économiques et aux changements globaux, il est important de revoir les conditions de gestion des animaux dans leurs environnements locaux de production, car les facteurs environnementaux tels que l'année de vêlage, le mois de vêlage, la parité de vêlage, l'année de naissance et le stade de lactation ont une influence importante sur l'efficacité et la rentabilité de production et de reproduction dans ces élevages fragilisés. Toutefois, il est important de souligner qu'à l'heure actuelle, le développement de l'élevage ne peut se faire sans une sélection génétique efficiente et orientée (basée sur les gènes de production laitière, les lactoprotéines) pour mieux optimiser les taux de réussite de l'insémination artificielle. A la suite de cette étude, la caractérisation moléculaire pourrait spécifiquement apporter des arguments solides sur la structure génétique de ces populations.

**Chapitre III : Diversité et Structure génétique
des populations bovines locales du Sénégal**

Introduction

L'une des meilleures stratégies pour préserver les caractéristiques liées à l'adaptabilité (tels que la fertilité, l'absorption de nourriture et sa conversion, le taux de croissance, la production laitière, les besoins en eau, la résistance aux maladies et la mortalité...) des races bovines africaines dans leurs environnements de production respectifs, est l'implication conséquente de la caractérisation et donc la conservation des ressources zoogénétiques animales. Les objectifs d'autosuffisance alimentaire et de conservation de la biodiversité ne peuvent être atteints sans de meilleure gestion et valorisation des races locales dans leurs biotopes exclusifs ; d'autant plus qu'elles jouent un rôle non négligeable dans la stimulation des plantes, l'élimination de la biomasse excédentaire et le recyclage de certaines substances nutritives (BIP, 2010).

Au travers des générations, éleveurs et sélectionneurs ont effectué des croisements intensifs entre races pour améliorer la production laitière, l'embonpoint, la force physique pour la traction, la résistance aux maladies, aux stress nutritionnels et abiotiques, la beauté phénotypique etc. Ces pratiques parfois incontrôlées ont causé une importante dilution du pool génétique qui est l'unique source de variation génétique nécessaire à l'amélioration des traits économiques et des races bovines (Machado *et al.*, 2003).

En Afrique, l'introduction du chromosome Y-spécifique du zébu Indien dans les populations taurines initiales a donné naissance à la morphologie des races de zébus africains (MacHugh *et al.*, 1997). Sans ambiguïté, l'invasion arabe (700 ans apr. J.-C.) (Epstein, 1971) qui a réparti le zébu dans le nord et l'est du continent africain, a favorisé la disproportion du nombre de mâles de telle sorte qu'il y avait un mâle par troupeau pour accoupler les femelles taurines. Par la suite, l'introgression du génome zébu dans les populations taurines originelles (N'Dama) a généré des populations "hybrides" F1 résistantes (actuels zébus africains) aux conditions arides, ne possédant aucun mitotype de zébus mais ayant des mâles fixés pour le chromosome Y du zébu (zébu asiatique) (MacHugh *et al.*, 1997). Par ailleurs, suivant cette même interprétation, MacHugh *et al.* (1997) en étudiant le polymorphisme des ADN microsatellites chez plusieurs races de zébu (africains et asiatiques) et de taurin (africaines et européennes), ont montré la présence d'allèles spécifiques de zébu à des proportions différentes dans les populations taurines du sud de l'Afrique de l'Ouest entre autres les races N'Dama du Sénégal, de la Gambie et de la Guinée Bissau. Les suites de l'infiltration du chromosome Y et des allèles autosomiques-spécifiques du zébu ont fait que plusieurs populations taurines africaines ne pouvaient être considérées comme des races pures au sens propre du terme. Egalement, en se basant sur les analyses de l'ADN mitochondrial, aucune race de zébu africain

ne pouvait d'alors être classée comme un vrai zébu. De cette histoire, MacHugh *et al.* (1997) en ont déduit que le screening des microsatellites rend aujourd'hui cette approche particulièrement plus attractive.

Au vu de la structure génétique des races de zébus et taurins africaines d'alors, associée aux phénomènes de croisements génétiques incontrôlés dans les différents environnements de production des races bovines locales du Sénégal, il est judicieux d'évaluer l'état actuel de leur diversité et structure génétique non seulement pour la conservation génétique de l'espèce bovine mais aussi pour l'amélioration des traits d'intérêt économique relatifs au développement de l'élevage. L'objectif de ce présent chapitre est d'estimer la diversité et de déterminer la structure génétique des populations bovines locales du Sénégal par le polymorphisme des loci microsatellites.

III.1. Matériel et méthodes

III.1.1. Sites d'étude

Les sites d'étude correspondent aux mêmes localités des trois zones agro-écologiques où les enquêtes phénotypiques ont été effectuées (voir paragraphe III.1.1. du chapitre II).

III.1.2. Population d'étude

Dans le cadre de cette étude de caractérisation moléculaire, la population d'étude est toujours composée des quatre types phénotypiques (zébu Gobra, zébu Maure, N'Dama et Djakoré). A ce titre la population est définie comme étant : l'ensemble des individus de la même race et d'origines géographiques différentes qui jouissent de la faculté de se reproduire entre eux et se reproduisent moins avec les autres races. La population d'échantillonnage est la race.

III.1.3. Echantillonnage

Pour la méthode d'échantillonnage (voir paragraphe II.1.3 du chapitre II). Les animaux de la population d'étude sont des bovins mâles d'âge compris entre 13 et 144 mois (1 à 12 ans) et femelles d'âge compris entre 18 et 192 mois (1 an 6 mois à 16 ans). La sélection a porté, au total, sur 120 animaux. Le tableau XXII décrit la répartition des effectifs par population selon le sexe, les régions d'étude et les zones agro-écologiques. La répartition des individus sélectionnés pour le génotypage des microsatellites en fonction de la population, du sexe et de la localité d'origine, est présentée en annexe 3.

Tableau XXII : Répartition de l'effectif des populations suivant les régions d'étude et zones agro-écologiques. Zones agro-écologiques : VFS = Vallée du Fleuve Sénégal, SBA = Sud du Bassin Arachidier, SOHC = Sénégal Oriental/Haute Casamance; Sexe : M = Mâle, F = Femelle.

Régions et zones agro-écologiques	Saint-Louis (VFS)		Kaolack (SBA)		Kolda (SOHC)		Total
	M	F	M	F	M	F	
Zébu Gobra	5	8	5	12	-	-	30
Zébu Maure	9	17	1	3	-	-	30
Djakoré	-	-	6	24	-	-	30
N'Dama	-	-	-	-	10	20	30
Total	39		51		30		120

III.1.4. Prélèvements sanguins

Le matériel biologique est constitué par du sang total obtenu par prélèvement au niveau de la veine jugulaire de l'animal et collecté dans des tubes EDTA (acide éthylène diamine-tétra-acétique) (BD Vacutainer® Systems, Plymouth, United Kingdom). Les échantillons de sang ont été par la suite conservés à $\pm 4^{\circ}\text{C}$ jusqu'à l'extraction de l'ADN génomique. Durant les prélèvements, des mesures adéquates ont été prises afin de minimiser la douleur et l'inconfort à l'endroit des animaux.

III.1.5. Extraction de l'ADN génomique

L'extraction de l'ADN des échantillons a été réalisée au laboratoire de biologie moléculaire du BIOPASS (CBGP/IRD/Dakar) en utilisant le protocole standard Gentra Puregene Blood kit, destiné à l'extraction d'ADN à partir du sang total et développé par le Groupe QIAGEN®. Les extraits d'ADN ont été conservés à -20°C jusqu'au génotypage.

III.1.6. Procédure de génotypage des marqueurs microsatellites

Le génotypage des marqueurs microsatellites a été réalisé au laboratoire International de Génotypage (GENEBOBO) du Centre International de Recherche-Développement sur l'Élevage en zone Subhumide (CIRDES) au Burkina Faso.

III.1.6.1. Marqueurs microsatellites sélectionnés

Pour le génotypage, 12 marqueurs ont été sélectionnés du panel des microsatellites recommandés par l'Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture et le Groupe Consultatif sur la diversité génétique des animaux d'élevage (FAO et ISAG) pour la caractérisation génétique des races bovines (FAO, 2011). Ces marqueurs comportent en moyenne 12,4 allèles (variant de 8 à 17 selon le locus) (Foulley et Ollivier, 2006). Le choix de

ces marqueurs a été essentiellement fait sur la base de leurs caractéristiques techniques (bonne aptitude à l'amplification et interprétation aisée des typages) et de leurs caractéristiques génétiques (nombre d'allèles, localisation et répartition dans le génome). Les caractéristiques particulières des marqueurs retenus pour cette étude sont consignées dans le tableau XXIII.

Tableau XXIII : Marqueurs microsatellites, séquences des amorces, localisation, température d'hybridation et taille attendue. ^(a) Les codes des loci déduits de la carte génétique du génome bovin sont mis entre parenthèses. Source: FAO (2011).

Loci ^(a)	Chromosomes	Amorces	Séquences des amorces (5'→3') Forward/ Reverse/Forward FM13 ⁴	Température d'hybridation (C°)	Taille théorique attendue (pb)
INRA063 (D18S5)	18	INRA063F INRA063R INRA063FM13	ATTTGCACAAGCTAAATCTAACC AAACCACAGAAATGCTTGGAAAG CACGACGTTGTAAAACGACATTTGCACAAGCTAAATCTAACC	55-58	167-189
INRA037 (D10S12)	10	INRA037F INRA037R INRA037FM13	GATCCTGCTTATATTTAACCAC AAAATTCATGGAGAGAGAAAC CACGACGTTGTAAAACGACGATCCTGCTTATATTTAACCAC	57-58	112-148
MM12 (D9S20)	9	MM12F MM12R MM12FM13	CAAGACAGGTGTTCAATCT ATCGACTCTGGGGATGATGT CACGACGTTGTAAAACGACCAAGACAGGTGTTCAATCT	50-55	101-145
HEL9 (D8S4)	8	HEL9F HEL9R HEL9FM13	CCCATTCAGTCTTCAGAGGT CACATCCATGTTCTCACCAC CACGACGTTGTAAAACGACCCATTCAGTCTTCAGAGGT	52-57	141-173
HEL1 (D15S10)	15	HEL1F HEL1R HEL1FM13	CAACAGCTATTTAACAAGGA AGGCTACAGTCCATGGGATTT CACGACGTTGTAAAACGACCAACAGCTATTTAACAAGGA	54-57	99-119
ETH10 (D5S3)	5	ETH10F ETH101R ETH10FM13	GTTTCAGGACTGGCCCTGCTAACA CCTCCAGCCCACTTTCTCTCTC CACGACGTTGTAAAACGACGTTTCAGGACTGGCCCTGCTAACA	55-60	207-231
ETH152 (D5S1)	5	ETH152F ETH152R ETH152FM13	TACTCGTAGGGCAGGCTGCCTG GAGACCTCAGGGTGGTGATCAG CACGACGTTGTAAAACGACTACTCGTAGGGCAGGCTGCCTG	55-60	181-211
BM1818 (D23S21)	23	BM1818F BM1818R BM1818FM13	AGCTGGGAATATAACCAAAGG AGTGCTTTCAAGGTCCATGC CACGACGTTGTAAAACGACAGCTGGGAATATAACCAAAGG	56-60	248-278
BM2113 (D2S26)	2	BM2113F BM2113R BM2113FM13	GCTGCCTTCTACCAAATACCC CTTCTGAGAGAAGCAACACC CACGACGTTGTAAAACGACAGCTGCCTTCTACCAAATACCC	55-60	122-156
ETH225 (D9S1)	9	ETH225F ETH225R ETH225FM13	GATCACCTTGCCACTATTTCTT ACATGACAGCCAGCTGCTACT CACGACGTTGTAAAACGACGATCACCTTGCCACTATTTCTT	57	140-160
TGLA53 (D16S3)	16	TGLA53F TGLA53R	GCTTTCAGAAATAGTTTGCATTCA ATCTTCACATGATATTACAGCAGA	55	143-191

⁴Amorce Forward dont la séquence est pourvue d'une queue M13 (séquence de 19 paires de bases) à son extrémité 5'.

		TGLA53FM	CACGACGTTGTAAAACGACGCTTTCAGAAATAGTTTGCATTCA		
TGLA122	21	TGLA122F	CCCTCCTCCAGGTAATCAGC	55-58	136-184
(D21S6)		TGLA122R	AATCACATGGCAAATAAGTACATAC		
		TGLA122M13	CACGACGTTGTAAAACGACCCCTCCTCCAGGTAATCAGC		

III.1.6.2. Amplification des marqueurs microsatellites par PCR Li-Cor

L'amplification par PCR Li-Cor permet d'effectuer une migration des produits amplifiés suite aux réarrangements en utilisant un séquenceur automatique de type Li-Cor® (DNA Analyser Modèle 4300). A la différence de la PCR froide, dans la PCR Li-Cor, l'amplification des échantillons est faite en utilisant une amorce Forward dont la séquence est pourvue d'une queue M13 (séquence de 19 paires de bases clonée dans un phage M13) à son extrémité 5' et une amorce Reverse des marqueurs ciblés. Le milieu réactionnel est constitué, en plus des éléments de la PCR froide, d'un fluorochrome généralement nommé la Q-M13 ou Dye (700) et qui est identique à la séquence M13 ajoutée à l'extrémité de l'amorce Forward classique. Ce fluorochrome ou Dye (700), doté d'une absorbance à une longueur d'onde de 700 nm a été utilisé pour la détection des pics alléliques par le laser lors de la migration électrophorétique verticale sur l'analyseur d'ADN Li-Cor. Ce modèle de Li-Cor est un séquenceur automatique à gel d'acrylamide-urée qui permet de détecter avec une bonne résolution des fragments d'ADN de 50 à 700 pb amplifiés soit avec le Dye 700 ou le Dye 800. Cependant, nous précisons que nos échantillons ont été amplifiés avec le Dye 700. Les puits qui correspondaient au marqueur de taille interne (marqueur de Ronan) sont restés vides des PCR Li-Cor aux réarrangements. C'est lors du dépôt des échantillons sur le rack (bac à 96 puits) que le marqueur de taille est mis en même temps dans les puits correspondants.

Les microsatellites ont été amplifiés par PCR Li-Cor en simplex. Les amplifications par PCR de 8 marqueurs (INRA063, MM12, HEL1, ETH152, BM2113, ETH225, TGLA53, TGLA122) ont été réalisées dans un volume réactionnel de 15µl pour 1 échantillon (µl), contenant 12,5 µl de total mix et 2,5 µl d'ADN génomique. Les 4 autres (ETH10, BM1818, HEL9, INRA037) ont été amplifiés dans un volume réactionnel de 15 µl contenant 13 µl de total mix et 2 µl d'ADN génomique. Le mélange est composé de 7,51 µl de H₂O pour le total mix de 12,5 µl et 8,01 µl pour celui de 13 µl, 1,6 µl de Tampon (10X), 1,6 µl de dNTPs (2,5 mM), 0,8 µl de MgCl₂ (25 mM), 0,2 µl de primer FM13 (10µM), 0,3 µl de primer R (10 µM), 0,1 µl de Taq polymérase (5U/µl) et 0,3 µl de Dye M13 (700). Les réactions d'amplification ont été accomplies dans un thermocycleur de type BIOMETRA® TGradient (Version 4.20 gr, Model No.1912460, Whatman) selon les conditions suivantes : une dénaturation initiale à 94°C pendant 3 min, suivie de 34 cycles de dénaturation à 94°C pendant 30 sec, de 30 sec

d'hybridation à 50, 55 ou 60°C, d'élongation à 72°C pendant 45 sec, suivie de 8 min d'élongation finale à 72°C et enfin d'une hold qui conservait les produits PCR à 4°C à l'infini. Des exemples de fiches des PCR Li-Cor des marqueurs amplifiés sont présentées en annexe 4. Les différentes étapes des PCR Li-Cor ont été effectuées à l'abri de la lumière à cause de la photosensibilité du Dye M13 (700).

Remarques : Certaines étapes de la procédure de génotypage telles que la mise au point des marqueurs microsatellites, la constitution de plaques d'ADN, le réarrangement des plaques de la PCR Li-Cor et la migration des produits amplifiés sur le séquenceur Li-Cor sont présentées en annexe 5, 6, 7 et 8.

III.1.6.3. Analyse de profils de migration par le programme SAGA^{GT} Génération 2.0

L'analyse de profils de migration a été effectuée en utilisant le logiciel SAGA^{GT} Génération 2.0. Il s'agit d'un programme Li-Cor développé pour la lecture des profils microsatellites chez les organismes diploïdes. Suite à la migration, l'image des gels à travers l'interface de Li-Cor laissent voir les profils alléliques des échantillons. Les allèles apparaissent sous forme de deux spots à des niveaux différents pour les individus hétérozygotes et d'un spot pour les homozygotes.

Pour la détermination de la taille des différents allèles en fonction du marqueur considéré, il a été nécessaire d'apporter quelques transformations sur les images des gels, par le tracé de lignes verticales suivant le marqueur de taille interne et de lignes horizontales à partir de la ligne de taille attendue qui suit au mieux la déformabilité du gel.

III.1.7. Analyses statistiques et génétiques

La variabilité génétique entre races s'exprime généralement à partir d'un ensemble de fréquences alléliques, sous la forme d'indices de fixation et de diversité génique, ainsi que de distances génétiques. Ces dernières peuvent être converties en phylogénie, classification ou mesure globale de diversité. Toutefois, la richesse allélique est une information complémentaire intéressante à prendre en compte. Dans les analyses, un seul niveau est considéré : la population.

III.1.7.1. Variabilité génétique

Afin d'estimer la variabilité génétique, il est impératif de vérifier la présence d'allèles nuls avant toute analyse de données microsatellites en utilisant le logiciel Micro-Checker version 2.2.3 (Oosterhout *et al.*, 2004). Les allèles nuls correspondent à des allèles qu'on ne peut pas déceler avec la méthode de détection biochimique utilisée. Ils sont invisibles à l'état

hétérozygote, car récessifs par rapport aux autres allèles et mal détectés à l'état homozygote (blancs). Il est souvent difficile de séparer les cas où la manipulation a échoué (mauvaise amplification, matériel biologique dégradé, etc.) des cas où on a réellement à faire à un homozygote nul. Une mutation au niveau des séquences correspondant à un des primers empêche la bonne amplification de l'allèle. Il apparaîtra « blanc » (aucun signal) à l'état homozygote et sera dominé par les allèles avec lesquels il sera hétérozygote. Les hétérozygotes pour ce type d'allèles apparaissent donc homozygotes pour l'autre allèle. Or, il est montré que la présence d'allèles nuls à un locus peut provoquer des déficits d'hétérozygotes inexplicables biologiquement (De Meeûs, 2012). De ce fait, on s'attend à ce que les différents loci donnent une mesure différente (variance entre loci) (De Meeûs *et al.*, 2002a).

Une fois que la présence d'allèles nuls a pu être vérifiée, la variabilité génétique a été estimée à partir d'un ensemble de paramètres basiques du polymorphisme génétique dont on distingue les suivants :

➤ **Taux de polymorphisme (P)**

C'est le pourcentage de loci polymorphes dans l'échantillon étudié. La probabilité d'observer au moins deux allèles à un même locus dépend des fréquences respectives des allèles et aussi de la taille de l'échantillon. Dans le présent travail, un locus est considéré comme polymorphe lorsque l'allèle le plus fréquent a une fréquence inférieure ou égale à 0,95.

➤ **Fréquences alléliques**

La façon la plus simple de décrire la variation mendélienne consiste à donner la distribution des fréquences des génotypes dans la population. La variation peut exister aussi bien au sein d'une population qu'entre populations. Généralement, au lieu des fréquences génotypiques, on utilise les fréquences des allèles distincts. Les analyses portent sur des loci codominants (on distingue les hétérozygotes des homozygotes) avec au moins deux allèles chez un organisme diploïde (De Meeûs, 2012).

➤ **Nombre moyen d'allèles observés par locus (N_a)**

C'est le nombre moyen d'allèles observés dans une population et traduit la richesse en allèles de celle-ci. En général, le nombre moyen d'allèles dépend de la taille de l'échantillon à cause de la présence d'allèles uniques à faibles fréquences dans les populations, mais également parce que le nombre d'allèles observés augmente en fonction de l'évolution de la taille de la population. Ce paramètre est déterminé par locus et par population.

➤ **Richesse allélique (Rs et Rt)**

La richesse allélique d'une race est la mesure du nombre d'allèles indépendamment de la taille de l'échantillon. Cependant, le nombre d'allèles présent à un locus donné est fortement dépendant de la taille de l'échantillon, puisque les chances de découvrir un nouvel allèle augmentent chaque fois qu'un nouvel individu est observé. Pour comparer la richesse allélique de deux races, il est donc nécessaire de corriger le nombre d'allèles observés en fonction de la taille de l'échantillon. Pour contourner ce biais, nous avons appliqué le principe de "raréfraction" d'Hurlbert (1971) suggéré par El Mousadik et Petit (1996) pour les populations génétiques (Foulley et Ollivier, 2006). La richesse allélique est déterminée par population pour tous les loci confondus (**Rs**) et par locus pour l'ensemble des populations (**Rt**).

➤ **Contenu Informatif du Polymorphisme (PIC)**

Le **PIC** permet d'évaluer la capacité informative (discriminante) d'un marqueur dans une population à partir des fréquences alléliques (Thiruvankadan *et al.*, 2014). Le **PIC** est évalué par locus en considérant la population totale et par population pour tous les loci confondus.

➤ **Index Informatif de Shannon (I)**

Les statistiques informatives de Shannon ont été largement utilisées en écologie, mais en grande partie négligées en génétique, en dépit qu'ils offrent un cadre adéquat pour la quantification de la diversité biologique à travers les différents niveaux de la biodiversité, des gènes aux paysages (Peakall et Smouse, 2012). Parmi les indices de Shannon, on distingue l'index mutuel de Shannon-Weaver, qui est une mesure de diversité génétique importante au même titre que le contenu informatif du polymorphisme et permet l'estimation relative de la variabilité génétique à l'intérieur des espèces, sous-espèces ou populations. Les valeurs élevées témoignent d'une forte diversité génétique. A la différence d' H_E , cet indice informatif n'est pas borné par 1, et peut donc être un meilleur paramètre estimatif de la diversité allélique et génétique (Baker, 2005). Ce paramètre est mesuré en moyenne sur l'ensemble des loci par population et entre paires de populations. Un t-test a été effectué avec le programme STATVIEW version 5.0 (SAS Institute Inc., 1998) pour évaluer les différences entre valeurs moyennes de l'index (**I**) entre populations au seuil de significativité de 5%. Cependant, pour les valeurs de l'index (**I**) par paires de populations, les probabilités au seuil de 5% ont été obtenues après 1000 permutations.

➤ **Hétérozygotie observée (H_O)**

C'est la proportion d'individus hétérozygotes observés au locus **K** comme l'indique la formule suivante :

$$H_{OK} = \sum_{i,j=1}^{a_k} p_{ij} (i \neq j)$$

Où p_{ij} est l'estimation de la fréquence du génotype ij au locus k et a_k le nombre d'allèles au locus k . Si on considère I locus, le taux d'hétérozygotes observés (H_O) est la moyenne des (H_{OK}) suivant l'équation :

$$H_O = \frac{1}{I} \sum_{k=1}^I H_{OK}$$

L'hétérozygotie observée (H_O) est mesurée par locus et par population.

➤ **Hétérozygotie attendue (H_E)**

L'hétérozygotie attendue (H_E) peut être calculée sous l'hypothèse de l'équilibre de Hardy-Weinberg à partir des fréquences alléliques déterminées pour chaque locus à l'aide de la formule suivante :

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

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

Le taux moyen d'hétérozygotie est l'indice le plus satisfaisant de la diversité génétique. Sa valeur numérique dépend du nombre de loci polymorphes et de la structure génotypique de chacun d'eux. Toutefois, Nei (1978) propose d'utiliser un estimateur non biaisé (H_{Enb}), lorsque le nombre d'animaux testés est faible. Celle-ci est définie comme étant la probabilité de tirer, au hasard, deux allèles différents à un même locus. L'estimation de l'hétérozygotie non biaisée est calculée selon la formule suivante :

$$H_{Enb} = \frac{2n(1 - \sum p_i^2)}{2n - 1}$$

Où n est le nombre d'individus étudiés. L'hétérozygotie attendue non biaisée est estimée par locus et par population.

➤ **Diversité génique (H_S)**

H_S est la diversité génique par locus et par population estimée à partir d'un estimateur non biaisé. Il est déterminé selon la formule suivante (Nei, 1987) :

$$H_{S_k} = \frac{n_k}{n_k - 1} (1 - \sum p_{ik}^2 - H_{O_k} / 2n_k)$$

Où n_k représente la taille de l'échantillon k , p_{ik} la fréquence de l'allèle A_i dans l'échantillon k , et H_{O_k} la proportion d'hétérozygotes observés dans l'échantillon k . La diversité génique (H_S) est déterminée par locus et par population.

➤ **Coefficient de consanguinité ou mesure du déficit d'hétérozygotie (F_{IS})**

Ce paramètre représente le ratio d'hétérozygotie en plus ou moins observé par rapport à l'hétérozygotie attendue (H_E) sous les hypothèses de Hardy-Weinberg. Ce nouveau paramètre défini par Wright (Wright, 1965) est appelé indice de fixation (F) des individus à l'intérieur des sous-populations (s). En principe, il correspond à l'estimateur non biaisé (f) de Weir et Cockerham (1984) ou déficit en hétérozygotes. Il est aussi appelé l'écart à la panmixie et se calcule comme suit :

$$F_{IS} = \frac{H_E - H_O}{H_E} = 1 - \frac{H_O}{H_E}$$

Il varie entre -1 et +1. Les valeurs négatives correspondent donc à un excès d'hétérozygotes, les valeurs positives à un déficit en hétérozygotes et une valeur nulle correspondant donc à Hardy-Weinberg. Il est intéressant de noter que -1 ne peut être atteint que par une population où tous les individus sont hétérozygotes pour les mêmes deux allèles, alors que +1 signifie seulement qu'il n'y a aucun hétérozygote et donc tous les individus sont homozygotes pour les loci étudiés. En outre, il s'avère qu'un bon nombre de facteurs contribuent à cet écart : consanguinité, dérive, sélection, différenciation, etc. (De Meeûs, 2012).

Afin de tester la panmixie locale (tester par le F_{IS}), les allèles présents dans chaque sous-échantillon sont réassociés au hasard à l'intérieur de ces sous-populations et ce dans toutes les sous-populations ; on mesure alors le F_{IS} global (moyenne sur l'ensemble des sous-échantillons et des loci) (estimation par f de Weir et Cockerham, 1984). Ce processus est répété un très grand nombre de fois, ce qui permet d'obtenir la distribution des F_{IS} générés sous l'hypothèse de panmixie locale (H_O) (De Meeûs, 2012).

Le F_{IS} est ainsi estimé par population en considérant l'ensemble des loci après 1000 permutations des allèles à l'intérieur des populations ; la significativité est considérée lorsque les pourcentages de répétitions présentent une valeur du F_{IS} inférieure à celle réelle, c'est à dire supérieure à 95%. Les valeurs du F_{IS} par locus pour l'ensemble des populations ont été déterminées par la méthode du Jackknifing sur l'ensemble des loci et les intervalles de

confiance par la méthode du Bootstrapping sur l'ensemble des loci. La significativité des valeurs du F_{IS} est déduite selon un intervalle de confiance de 95%.

L'ensemble de ces mesures de variabilité génétique intra-population ont été calculées au moyen de différents programmes informatiques de génétique des populations. Les fréquences alléliques par locus, le taux de polymorphisme (P), le nombre moyen d'allèles observés par locus (N_a), le nombre effectif moyen d'allèles par population (N_e), le nombre moyen d'allèles privés par population (NPA), la richesse allélique par population (R_s) et par locus (R_t) ajustée à partir de 8 individus diploïdes, l'hétérozygotie observée (H_o), l'hétérozygotie attendue non biaisée (H_e) sous l'hypothèse de l'équilibre de Hardy-Weinberg, la diversité génique (H_s), le coefficient de consanguinité (F_{IS}) de Weir et Cockerham (1984) ont été calculées en utilisant les logiciels GenAlEx version 6.5 (Paekall et Smouse, 2012), Genetix version 4.05.2 (Belkhir *et al.*, 2004), Fstat version 2.9.3.2 (Goudet, 2002) et Arlequin version 3.5.1.3 (Excoffier et Lisher, 2010). Les autres estimateurs tels que le Contenu Informatif du Polymorphisme (PIC) (calculé selon Botstein *et al.* (1980)) et l'Index Informatif de Shannon (I) ont été déterminés en utilisant les programmes Cervus version 3.0.6, Field Genetics Ltd (Kalinowski *et al.*, 2007) et GenAlEx version 6.5 (Paekall et Smouse, 2012), respectivement. Les différences entre valeurs moyennes du Contenu Informatif du Polymorphisme (PIC) ont été évaluées entre populations en utilisant le t -test implémenté dans STATVIEW version 5.0 (SAS Institute Inc., 1998) au seuil de significativité de 5%.

III.1.7.2. Equilibre génétique

➤ Test d'équilibre d'Hardy-Weinberg (EHW)

En 1908, un mathématicien britannique du nom de Hardy et un médecin allemand, Weinberg ont émis le même modèle de façon indépendante. Ce modèle, communément appelé « Equilibre d'Hardy-Weinberg » sert de base à une immense partie des études de génétique des populations.

Selon cette loi, dans une population diploïde de taille infinie où la reproduction se fait au hasard (croisement aléatoire des individus et de leurs gamètes), sans sélection, ni mutation ou migration, les fréquences alléliques et génotypiques restent stables de génération en génération. Les fréquences génotypiques sont déduites des fréquences alléliques et ne dépendent que des fréquences de la génération initiale. Une telle population est dite en "Equilibre d'Hardy-Weinberg" (EHW) (De Meeûs, 2012). Les hypothèses de ce modèle sont les suivantes :

- population de taille infinie ;
- pas de mutation ;
- pas de migration ;
- pas de sélection (neutralité) ;
- reproduction sexuée avec rencontre au hasard des gamètes (panmixie) ;
- pas de chevauchement de générations.

Cependant, la relaxation des hypothèses d'Hardy-Weinberg l'une après l'autre aura des effets conséquents sur l'évolution des populations dites naturelles, autrement dit elle va impacter sur leur structure génétique (De Meeûs, 2012).

Les déviations par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg ont été testées pour chaque locus en considérant l'ensemble des populations et pour chaque population, tous les loci confondus. Ces tests exacts ont été réalisés en utilisant le programme Genepop version 4.2.2 (Rousset, 2008) par la méthode de la chaîne de Markov avec estimation exacte des p-values du Chi² par la méthode de Fisher (les paramètres fixés sont : dememorization = 10 000, lots = 20, 1 000 000 itérations par lot). L'hypothèse nulle est que les populations soient à l'équilibre de Hardy-Weinberg. Lorsque, des écarts s'observent par rapport à cet équilibre, nous en conviendrons qu'au moins une des hypothèses n'est pas vérifiée.

➤ **Test du déséquilibre de liaison génotypique**

Le déséquilibre de liaison, aussi appelé « association allélique » est la mesure du degré d'association aléatoire entre les allèles de différents loci dans une population. Les mesures du déséquilibre de liaison quantifient la fréquence à laquelle deux allèles peuvent se trouver sur un même chromosome dans une population (Tucho, 2004).

Plusieurs méthodes existent pour tester le déséquilibre de liaison, et globalement, elles consistent à recombinaison au hasard les loci entre eux à l'intérieur de chaque sous-échantillon un très grand nombre de fois et de mesurer une statistique. La statistique observée dans chaque sous-échantillon est ensuite comparée à la distribution obtenue lors des randomisations sous l'hypothèse nulle d'absence d'association statistique entre loci. La statistique utilisée est une mesure du déséquilibre de liaison par paires de loci (le plus fréquent). Ainsi, dans les tests par paires de loci, on peut utiliser comme statistique la probabilité d'apparition du tableau des génotypes pour les deux loci du sous-échantillon, compte tenu des fréquences génotypiques observées. Dans ce cas, la p-value du test sera simplement la somme des probabilités faibles ou plus faibles que celle observée dans le sous-échantillon, divisée par la somme de toutes les probabilités obtenues lors de la procédure de randomisation (De Meeûs, 2012).

Dans cette étude, nous avons utilisé une statistique nommée, **G** (log-likelihood ratio) implémentée dans le logiciel Fstat version 2.9.3.2 (Goudet, 2002) pour tester l'association aléatoire entre génotypes par paires de loci dans toutes les populations. L'estimation exacte des p-values du déséquilibre génotypique est basée sur 550 000 permutations. Les niveaux de significativité au seuil de 5%, 1% et 0,1% ont été ajustés à partir des probabilités fixées à 0,000091, 0,000018 et 0,000002, respectivement.

III.1.7.3. Différenciation génétique

Les paramètres les plus simples pour l'évaluation de la diversité génétique entre races avec l'utilisation de données microsatellites sont les estimateurs de la différenciation génétique ou indices de fixation. Différents estimateurs ont été proposés (F_{ST} , G_{ST} , θ , etc.), mais le plus largement utilisé reste le F_{ST} (θ) de Weir et Cockerham (1984). Le F_{ST} est considéré comme étant une mesure appropriée relative à la différenciation génétique entre sous-populations à travers le calcul des variances standardisées dans les fréquences alléliques entre sous-populations. Par conséquent, les résultats du F_{ST} et certaines statistiques corrélées sont parmi les plus utilisés en statistiques descriptives dans une population et en génétique évolutive (Holsinger et Weir, 2009).

➤ F_{ST} (θ) de Weir et Cockerham (1984)

Les valeurs du F_{ST} ou l'effet de subdivision de la population, mesurent la réduction de l'hétérozygotie dans les sous-populations liée aux différences des fréquences alléliques moyennes. Aussi appelé le coefficient de co-ascendance, θ de Weir et Cockerham (1984) ou "indice de fixation", le F_{ST} est défini comme étant la corrélation des gamètes au sein des sous-populations par rapport aux gamètes tirés au hasard de l'ensemble de la population (toutes les sous-populations comprises). Il est calculé en utilisant l'hétérozygotie moyenne attendue des sous-populations et l'hétérozygotie attendue de la population totale. Le F_{ST} est toujours positif et compris entre 0 = panmixie (l'accouplement se fait au hasard, pas de divergence génétique au sein des populations d'où absence de différences entre les fréquences alléliques des sous-populations) et 1 = isolement complet (toutes les sous-populations concernées sont panmictiques et totalement isolées). Donc, si les sous-populations partagent les mêmes fréquences alléliques (variance nulle), ce déficit est nul (pas de déviation par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg); alors que dans le cas où le F_{ST} est positif, et ce d'autant plus que les fréquences alléliques diffèrent entre sous-populations jusqu'à une valeur maximale de 1 quand chaque sous-population est fixée pour un des allèles présents (variance maximale). Ce

phénomène généré par une variance entre les fréquences alléliques, est appelé effet Wahlund (Wahlund, 1928), c'est à dire le déficit en hétérozygotes dû à la structuration de la population. L'effet Wahlund qui se traduit par une réduction de l'hétérozygotie des sous-populations par rapport à la population totale, s'observe lorsqu'il existe une divergence des fréquences alléliques entre sous-populations. Cette divergence est généralement induite par l'effet de la dérive génétique qui tend à faire diverger les fréquences alléliques entre les différentes sous-populations (De Meeûs, 2012).

Les valeurs du F_{ST} sont ainsi mesurées par locus pour l'ensemble des populations en utilisant le programme Fstat version 2.9.3.2 (Goudet, 2002) par la méthode du Jackknifing sur l'ensemble des loci et les intervalles de confiance par le Bootstrapping sur l'ensemble des loci. La significativité des valeurs a été déduite selon un intervalle de confiance de 95%. Cependant, nous avons utilisé le logiciel Genetix version 4.05.2 (Belkhir *et al.*, 2004) pour déterminer les valeurs du F_{ST} par paire de populations après 1000 permutations. Une autre mesure de différenciation génétique analogue au F_{ST} , le θ_{RH} de Robertson et Hill (1984) a été aussi estimée par paires de populations selon la même procédure. Cette mesure tient compte de la taille des allèles et non des fréquences alléliques. Les allèles de taille proche ont plus de chance d'avoir un ancêtre commun proche, dans le cas où les microsatellites suivent le modèle de mutation strict, le SMM. La significativité des valeurs du F_{ST} et du θ_{RH} entre paires de populations a été considérée lorsque les pourcentages de répétitions présentaient une valeur de F_{ST} ou du θ_{RH} inférieure à celle réelle, c'est à dire supérieure à 95%.

➤ **F_{IT} (F) de Weir et Cockerham (1984)**

Le F_{IT} mesure l'homozygotie des individus de la population totale ou le déficit en hétérozygotes global. Quand les sous-populations ne sont pas panmictiques, dans ce cas, le déficit en hétérozygotes global peut résulter de deux effets : l'effet Wahlund et l'effet des croisements non aléatoires dans les sous-populations. Le F_{IT} tout comme le F_{IS} varie entre -1 et 1 (De Meeûs, 2012).

Le F_{IT} (F) est ainsi mesuré par locus pour l'ensemble des populations en utilisant le programme Fstat version 2.9.3.2 (Goudet, 2002) par les méthodes du Jackknifing et du Bootstrapping sur l'ensemble des loci. La significativité des valeurs a été déduite selon un intervalle de confiance à 95%.

➤ **G_{ST} de Nei (1973) ou coefficient de différenciation génétique**

Le coefficient de différenciation génétique (**G_{ST}**) développée par Nei (1973) est une extension de la distance génétique théorique de Nei (1972) entre paire de populations. Il mesure l'homogénéité des fréquences alléliques entre sous-populations. Le **G_{ST}** peut être directement déduit des fréquences alléliques en termes d'hétérozygoties attendues au sein et entre populations. A la différence du **F_{ST}**, l'estimation des hétérozygoties dans le **G_{ST}** dépend uniquement des fréquences alléliques. Cette méthode offre plusieurs avantages parce qu'elle n'est pas affectée par le nombre d'allèles à un locus donné ou par les forces évolutives telles que la mutation, la sélection et la migration (Nei, 1973).

Pour l'estimation des valeurs du **G_{ST}**, celui de Nei et Chesser (1983) a été utilisé car étant non biaisé. Les valeurs ont été ainsi mesurées par locus pour l'ensemble des populations et par paire de populations en utilisant le programme GenAlEx version 6.5 (Paekall et Smouse, 2012) par la méthode des permutations. Les probabilités ont été obtenues selon un intervalle de confiance du bootstrapping de 95%.

➤ **Flux génique, Nm (Wright, 1969)**

La différenciation génétique entre populations est favorisée par la dérive et limitée par les flux génétiques entre populations. La connaissance du **F_{ST}** peut permettre l'inférence du nombre d'individus migrants (le produit **Nm**, avec **N** : taille de chaque sous-population et **m** : nombre effectif de migrants) dans une sous-population si cette dernière fait partie d'un modèle en îles. Or, comme dans le modèle en îles infini de Wright (1951) (à l'équilibre entre migration, mutation et dérive), composé de **n** sous-populations panmictiques, la probabilité d'identité entre deux allèles pris au hasard entre deux sous-populations est nulle. Si le nombre de sous-populations **n** est suffisamment grand, cette probabilité est égale à **Q_T = 1/n ≈ 0**. Ceci conduit naturellement à ce que **F_{ST} = Q_S**, probabilité d'identité entre allèles des individus d'une même sous-population (De Meeûs, 2012). Alors, si **Q_S** est remplacée par le **F_{ST}**, nous pouvons avoir la formule classique suivante :

$$F_{ST} \approx \frac{1}{4Nm + 1}$$

Dans cette équation, il est facile d'extraire l'égalité, **Nm = (1 - F_{ST})/4F_{ST}**. Ce qui revient ainsi à dire que le nombre effectif de migrants par génération (**Nm**) est relié à la différenciation génétique **F_{ST}** par la relation :

$$Nm = \frac{1 - F_{ST}}{4F_{ST}}$$

Afin d'estimer le flux génique (Nm) entre paires de populations le logiciel Genetix version 4.05.2 (Belkhir *et al.*, 2004) a été utilisé. Cependant, l'estimation du flux génique par locus en considérant la population totale a été déduite à partir du F_{ST} selon la relation décrite précédemment.

➤ Distances génétiques

L'une des plus importantes difficultés dans la conservation de la diversité génétique des animaux domestiques, est comment choisir la population ou la race appropriée pour la conservation. Et donc, l'une des méthodes fiables revient à calculer la distance génétique entre paires de races et de choisir les races qui montrent une large différenciation génétique. Plusieurs mesures de distance ont été proposées, cependant, les plus efficaces et largement utilisées dans les études de génétique des populations naturelles ont été retenues.

- **Distance génétique standard (D_S) de Nei (1972)**

L'utilisation de distances et de diversité génétique de Nei se justifie par leur signification biologique (Nei, 1972). En effet, ces distances sont basées sur la probabilité d'identité des gènes et donc étroitement associées à la définition du coefficient de parenté.

D_S est la mesure de distance la plus largement utilisée selon le modèle IAM (infinite alleles model). Elle est destinée à mesurer le nombre moyen de substitutions alléliques par locus survenues après la divergence de deux populations et est attendue pour augmenter linéairement avec le temps (Nei et Takezaki, 1994). D_S n'assume que le taux de substitution de gènes par locus soit uniforme à travers les loci et les lignées. Cependant, on trouve que cette hypothèse est violée avec les loci microsatellites. Selon Farris (1981), cette mesure n'est pas appropriée pour faire des arbres phylogénétiques, car ce n'est pas une mesure métrique et n'obéit pas aux inégalités triangulaires.

- **Distance génétique angulaire D_A (Nei *et al.*, 1983)**

La distance génétique angulaire D_A est une mesure appropriée pour l'analyse des arbres phylogénétiques indépendamment de la présence de bottleneck démographique (Choi *et al.*, 2012). Nei *et al.* (1983) ont recommandé cette distance modifiée de Cavalli Sforza et Edwards (1967) pour estimer les relations entre populations génétiquement proches, lorsque la dérive génétique est le premier facteur de la différenciation évolutive (Maudet *et al.*, 2002). D_A fait

partie des mesures de distance les plus largement utilisées car il a été rapporté qu'elle augmente lentement avec le temps et maintient la relation linéaire pour de longues périodes (Nei, 1987).

- **Distance génétique de Reynolds, D_R (Reynolds, Weir et Cockerham, 1983)**

Dans le cas de l'utilisation des fréquences alléliques, la divergence est supposée résulter d'un processus de dérive génétique et l'hypothèse correspondante est donc le rythme uniforme de cette dérive, ce qui implique des sous-populations de même effectif génétique (Ollivier *et al.*, 2000). De la sorte, les généalogies peuvent être relativement proches et dans lesquelles la dérive génétique et non la mutation paraît tenir dans un label très élevé du processus de différenciation. Dans ce sens, le modèle de Reynolds qui assume les conditions réelles d'absence de mutation est fortement en relation avec le F_{ST} .

- **Chord distance (D_C) (Cavalli-Sforza et Edwards, 1967)**

Cette distance est l'une des plus efficaces pour obtenir une topologie correcte de l'arbre sous les modèles SMM (stepwise mutation model) et IAM (infinite allele model) (Takezaki et Nei, 1996).

- **Distance des allèles partagés (D_{AS}) (Chakraborty et Jin, 1993)**

Cette distance, formulée initialement par Bowcock *et al.* (1994), est d'une grande simplicité théorique et se base sur une population où les individus sont identiques du fait qu'ils ont en commun un grand nombre d'allèles.

Afin de mesurer la distance génétique entre populations, trois mesures que sont la distance génétique standard non biaisée (D_S) de Nei (1978), la distance génétique angulaire D_A de Nei *et al.* (1983), celle de Reynolds (D_R) (Reynolds, Weir et Cockerham, 1983) ont été calculées en utilisant les logiciels Genetix version 4.05.2 (Belkhir *et al.*, 2004) et GenAlEx version 6.5 (Paekall et Smouse, 2012).

III.1.7.4. Méthodes de reconstruction des arbres phylogénétiques

Pour inférer les relations de parenté entre les différentes populations suivant le processus de l'évolution, nous avons utilisé les méthodes de distances telles que l'UPGMA (unweighted pair group method with arithmetical mean) de Sneath et Sokal (1973) et la méthode du Neighbour Joining (NJ) de Saitou et Nei (1987). En principe, dans les méthodes de distances, la distance évolutive est calculée pour toutes les paires de populations et l'arbre phylogénétique est construit à partir de la matrice de distance. En outre, la fiabilité des nœuds des dendrogrammes est mesurée par la méthode dite de bootstrap (Felsenstein, 1985).

La reconstruction des arbres phylogénétiques a été effectuée en utilisant les méthodes du Neighbor- Joining et de l'UPGMA implémentées dans le programme Populations version 1.2.28 (Langella, 1999). Les arbres des populations sont construits à partir de la matrice des distances D_C , D_A et D_{AS} . Dans la nécessité d'enraciner les arbres des populations, nous avons pris les génotypes (Nguyen *et al.*, 2007) d'une espèce proche du genre *Bos* et appartenant à la sous-famille des *Bovinae*, le buffle Africain (*Syncerus caffer*). La fiabilité des nœuds des arbres construits a été testée par la méthode du bootstrap avec 10000 ré-échantillonnages. La visualisation et la reproduction graphique des dendrogrammes ont été effectuées à l'aide du logiciel Fig Tree version 1.4.2 (Rambaut, 2014).

III.1.7.5. Structure génétique des populations

➤ Analyses de goulot d'étranglement démographique

Il a été montré que les notions d'effectif efficace de goulot d'étranglement et de biologie de la conservation sont étroitement liées. L'effectif efficace d'une population, aussi appelé effectif génétique et généralement noté N_e , est censé représenter une vitesse avec laquelle une population perd sa diversité génétique par dérive génétique. Une population qui subit une réduction forte d'effectif (goulot d'étranglement) aura tendance à présenter une réduction simultanée du nombre d'allèles par locus et de leur diversité génétique (De Meeûs, 2012). Durant un goulot d'étranglement, il est noté que la perte d'allèles se fait plus vite que la baisse de la diversité génétique. Il en résulte qu'une population ayant subi un goulot d'étranglement récent présentera une diversité génétique (H_e) supérieure à celle attendue à l'équilibre mutation/dérive (H_{eq}) compte tenu du nombre d'allèles observés (k) sous l'hypothèse d'une taille constante de la population (Baker, 2005). Dans une population à l'équilibre mutation/dérive dont la taille n'a pas varié depuis un temps raisonnable, il y a autant de chance d'observer un excès qu'un déficit de diversité génétique, par rapport à l'attendu aux différents loci. Afin de détecter si le nombre d'excès observés dépasse significativement ce qui est attendu sous cette hypothèse nulle, on peut utiliser trois tests, mais le plus commode et le plus puissant est le test de Wilcoxon (De Meeûs, 2012).

L'excès de diversité génétique ($H_e > H_{eq}$) a été démontré pour les loci évoluant sous le modèle infinite allele (IAM). Si les loci évoluent sous le modèle strict stepwise mutation (SMM), il peut avoir des situations où l'excès de diversité n'est pas observé. Cependant, peu de loci suivent le modèle SMM, et dès qu'ils dévient légèrement ce modèle de mutation en faveur du modèle IAM, ils montrent un excès d'hétérozygotie due à un quelconque goulot génétique dans le passé. Etant donné que peu de loci suivent le modèle SMM, le two-phase

modèle de mutation (TPM) est considéré comme étant le plus approprié. Le TPM est intermédiaire des modèles SMM et IAM (Baker, 2005).

Plusieurs modèles de mutation peuvent être utilisés selon les situations. Mais selon De Meeûs (2012), il est préférable d'utiliser les trois modèles de mutations simultanément. Car il est montré que, si un goulot d'étranglement a réellement eu lieu on le détectera très fortement avec l'hypothèse IAM, moyennement avec le TPM et faiblement avec le SMM ; alors qu'en cas d'absence de goulot d'étranglement mais en population structurée en petites sous-populations, on pourra détecter faussement une signature de goulot d'étranglement avec IAM, mais exceptionnellement (voir jamais) avec TPM et jamais avec SMM (De Meeûs *et al.*, 2010). Deux méthodes implémentées dans le logiciel Bottleneck version 1.2.02 (Cornuet et Luikart, 1996) ont été développées afin de voir si vraisemblablement, les populations ont subi des événements de goulot d'étranglement récent.

- **Wilcoxon test (Cornuet et Luikart, 1996)**

Le test de Wilcoxon a été jugé plus puissant et robuste pour tester l'excès d'hétérozygotie relatif à celui attendu à l'équilibre mutation-dérive à partir des fréquences alléliques (Mahmoudi *et al.*, 2012). Pour cela, on vérifie l'hypothèse nulle selon laquelle tous les loci sont en équilibre mutation-dérive suivant les différents modèles générés. Donc, si une éventuelle déviation se présente, on obtient un excès d'hétérozygotie avec une p-value significative. Les paramètres par défaut sont : 70% de mutations de SMM dans TPM et 30% de TPM qui impliquent l'ajout ou le retrait de plus d'un motif microsatellite avec une variance de 30 (De Meeûs, 2012). Les estimations ont été faites sur 1000 répliques. Les p-values pour l'ensemble des populations ont été obtenues par le test binomial généralisé de Teriokhin *et al.* (2007) implémenté dans MultiTest version 1.2 (De Meeûs *et al.*, 2009). Pour le test, nous avons posé $k = 4$ populations, d'où il renvoie une probabilité maximale $\alpha = 0,0999$.

- **Mode-shift indicator test (Luikart *et al.*, 1998)**

Une seconde méthode qui est une représentation graphique en forme L de l'indicateur "mode-shift" et développée par Luikart *et al.* (1998) a été aussi utilisée pour tester les goulots d'étranglement démographiques récents. Cette méthode implémente un descripteur qualitatif de la distribution des fréquences alléliques ("mode-shift" Indicator) permettant de discriminer les populations en goulot des populations stables. Dans une population à l'équilibre mutation-dérive (avec une taille efficace laquelle est restée constante dans le passé récent), il y a approximativement une probabilité égale qu'un locus montre un excès de diversité génétique ou un déficit de diversité génétique (Baker, 2005). En effet, la perte d'allèles rares dans les

populations en goulot est détectée lorsqu'une ou plusieurs classes alléliques ont en commun un nombre élevé d'allèles que les classes alléliques rares (Luikart *et al.*, 1998). Dans le spectre des fréquences alléliques visualisé par la méthode graphique qualitative, les allèles microsatellites sont organisés en 10 classes alléliques permettant de vérifier si la distribution des fréquences alléliques suit la forme **L** de l'indicateur "mode-shift" où les allèles à faible fréquence (0,01-0,1) sont les plus abondants.

➤ **Inférence de la structure génétique des populations par les analyses multivariées**

Dans cette présente étude deux types d'analyse que sont l'AFC (analyse factorielle des correspondances) et l'ACP (analyse en composantes principales) ont été utilisées afin d'évaluer la répartition de la diversité génétique au sein et entre les populations.

• **Analyse factorielle des correspondances (AFC)**

L'analyse factorielle des correspondances (AFC) est effectuée pour visualiser les relations entre individus de différentes populations à partir des fréquences alléliques et détecter d'éventuels admixtures génétiques entre populations. C'est une méthode d'analyse multivariée qui considère les fréquences alléliques de toutes les populations aux différents loci comme variables (Hoda et Marsan, 2012). D'après De Meeûs (2012), c'est une technique également utilisée pour détecter une structure cachée dans un échantillon comme celui qui proviendrait d'un effet Wahlund (déficits en hétérozygotes à tous les non expliqués par le système de reproduction). A cet effet, une représentation graphique est produite à partir des fréquences alléliques en utilisant le programme Genetix version 4.05.2 (Belkhir *et al.*, 2004) pour estimer la répartition de la variabilité génétique à tous les niveaux (individus, sous-populations et population totale).

• **Analyse en composantes principales (ACP)**

L'analyse en composantes principales (ACP) suit le même principe que l'AFC sauf que ce sont des données ordinales continues qui sont utilisées au lieu de données disjonctives. Ici, ce sont des groupes d'individus (sous-populations) qui seront positionnés dans un hyperespace de **K** dimensions. Afin de condenser la variabilité génétique révélée par le panel des 11 microsatellites, le diagramme de l'ACP (ou PCoA en anglais) a été construit à partir de la matrice de Covariance de la distance génétique non biaisée (**D_S**) de Nei (1978), laquelle est déduite des fréquences alléliques en utilisant le programme GenAlEx version 6.5 (Paekall et Smouse, 2012). En fait, l'ACP s'applique pour révéler l'histoire évolutive et l'admixture

génétique parmi les populations (Sharma *et al.*, 2013). Les trois premiers axes de l'ACP par définition, sont reconnus comme étant les plus informatifs et sont représentés sur un diagramme de dispersion tridimensionnel pour toutes les populations.

➤ **Structure génétique des populations par analyse de variance moléculaire (AMOVA)**

L'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) implémentée dans le logiciel Arlequin version 3.5.1.3 (Excoffier et Lischer, 2010) a été réalisée pour estimer la variabilité génétique selon les trois niveaux hiérarchiques qui peuvent être observés dans une population. Cette analyse a permis de répartir la variance génétique totale en des composants dus aux différences entre individus, entre individus à l'intérieur des populations et entre populations. L'interprétation de la structure génétique des populations par les *F*-statistiques est testée en utilisant une approche permutation non-paramétrique telle que décrite par Excoffier *et al.* (1992). Les tests de significativité des indices de fixation ont été effectués avec 1023 permutations.

➤ **Détection de migrants de première génération et assignation génétique des individus par le programme GeneClass**

La détection de migrants de première génération utilisant les génotypes multiloci a été effectuée grâce au logiciel GeneClass version 2.0 (Piry *et al.*, 2004) suivant la méthode des fréquences alléliques de Paetkeau *et al.* (1995). Le seuil d'affectation des scores a été fixé à 5%.

Les tests d'assignation génétique des individus permettent de déterminer la probabilité d'appartenance d'un individu à sa population source (origine). Cornuet *et al.* (1999) ont suggéré une nouvelle approche d'assignement de la population (approche exclusion-simulation) qui calcule pour chaque individu sa probabilité d'appartenance par rapport à chaque population échantillonnée. En principe, l'approche exclusion-simulation proposée par Cornuet *et al.* (1999) calcule la probabilité selon laquelle un individu appartient à une population en simulant 10 000 génotypes. Par exemple, si le génotype d'un individu est observé une fois sur 10 000 génotypes simulés, la probabilité que cet individu appartient à une population est $p = 0,001$. Cette approche permet donc d'exclure les populations d'origine des individus. Le seuil de la *p*-value est fixé selon une certaine exclusion requise (généralement entre 0,05 et 0,001). Si la probabilité de l'individu est inférieure au seuil établi pour cette population, alors l'individu n'est pas originaire de cette population. Donc, un individu est considéré comme étant correctement assigné à une

population lorsqu'il est exclu de toutes les autres avec une probabilité hautement significative ($p < 0,001$), sauf celle dont il est originaire.

Les tests d'assignation génétique ont été réalisés en utilisant le programme GeneClass version 2.0 (Piry *et al.*, 2004) par la méthode des fréquences alléliques de Paetkau *et al.* (1995). L'assignation des individus s'est faite sous la corrélation de deux hypothèses : les populations sont supposées être en équilibre de Hardy-Weinberg et les loci en équilibre de liaison (Cornuet *et al.*, 1999). L'inconvénient majeur de cette méthode en cas de présence d'allèles nuls ou rares dans une population est que la fréquence allélique correspondante est égale à zéro. D'où un risque de zéro peut conduire à l'élimination de la population de l'analyse. Les tests d'exclusion-simulation ont été réalisées parmi toutes les populations (F_{ST} moyen = 0,047), entre les populations les plus différenciées génétiquement (Djakoré et N'Dama : $F_{ST} = 0,107$) et entre les populations les moins différenciées génétiquement (zébu Gobra et zébu Maure : $F_{ST} = 0,003$).

➤ **Inférence de la structure génétique des populations par approche bayésienne avec le programme Structure**

Afin de rechercher l'occurrence de groupes génétiques indépendants (**K**) et d'assigner correctement chaque individu à la population où son génotype a la plus grande probabilité de se produire, nous avons utilisé le logiciel Structure version 2.3.4. (Pritchard *et al.*, 2000). Ce programme utilise l'approche Bayésienne de Markov Chain Monte Carlo (MCMC), laquelle est basée sur le modèle de clustering pour inférer la structure génétique des populations et vérifier l'assignation correcte des individus à leur population d'origine selon une certaine probabilité **Q** (vecteur multidimensionnel qui représente la proportion d'ascendance pour tous les membres d'une population). D'après Pritchard *et al.* (2000), ces individus représentent un mélange de **K** populations non observées. L'analyse sous l'approche bayésienne est réalisée suivant l'hypothèse selon laquelle : les loci sont en équilibre de liaison et les populations en équilibre de Hardy-Weinberg. Cette méthode a l'avantage de procurer des résultats d'assignation fiables avec un nombre modeste de locus. La structure génétique des populations locales a été déduite en assumant le modèle « admixture » pour l'ascendance ; tandis que pour les fréquences alléliques, nous avons utilisé le modèle des « fréquences alléliques corrélées », ce qui permet aux individus d'avoir plusieurs origines (ascendants mixtes). Selon, Falush *et al.* (2003), dans le modèle « correlated allele frequencies en anglais », les fréquences alléliques de différentes populations sont probablement similaires à cause de la migration ou du polymorphisme ancestral partagé. Toujours, d'après Falush *et al.* (2003), ce modèle au même

titre que celui qui utilise les loci bialléliques, suppose d'une part que toutes les populations aient divergé à partir d'une population commune ancestrale durant la même période ; et d'autre part, qu'elles aient subi différentes quantités de dérive génétique (dus à la différence de la taille effective des populations) depuis leur divergence. De ces hypothèses et à partir d'un nombre pré-assigné de clusters (**K**), le programme en utilisant l'algorithme MCMC calcule le logarithme naturel de la probabilité *a posteriori* des clusters (**K**) dans une population compte tenu de la composition génotypique observée **G** (**Ln Pr (K/G)**). Cette dernière est directement proportionnelle au logarithme naturel de la probabilité (**Pr**) de la composition génotypique observée (**G**) compte tenu du nombre de clusters (**K**) pré-assigné dans le jeu de données du programme Structure.

L'analyse a été faite sous attribution des individus à leur population de référence (population échantillonnée). Les valeurs des probabilités postérieures de **K** (**log likelihood ; lnL**) sont estimées avec une période de burn-in de 10^4 itérations, suivies de 10^6 itérations de MCMC. Pour chaque valeur de **K** ($1 < \mathbf{K} < 8$), 20 répliques indépendantes (runs) sont effectuées afin de vérifier la cohérence des estimations à travers les itérations. Nous avons maintenu les paramètres par défaut dans toutes les répliques, à savoir le modèle admixture avec les fréquences alléliques corrélées. Le paramètre individuel d'admixture alpha a été le même pour tous les clusters et avec une information préalable uniforme. Le **K** s'appliquant au jeu de données sera celui pour lequel la probabilité postérieure **Ln P(D)** sera maximisée. La proportion de génome ancestral (**Q**) a été aussi déduite. Les résultats générés par Structure ont été soumis dans le web site programme, Structure Harvester (Earl et VonHoldt, 2012) pour déterminer le nombre de groupes génétiques (**K**) le plus probable par la méthode de vraisemblance **L(K)** et celle d'Evanno par la détermination de la distribution modale des valeurs de DeltaK (**ΔK**) (Evanno *et al.*, 2005).

III.1.7.6. Analyse de l'association entre marqueurs moléculaires et l'efficacité de la reproduction par analyse de variance (ANOVA)

Plusieurs études conduites sur une variété d'espèces ont démontré que l'œstrogène joue un rôle important sur le développement folliculaire, la maturation et la stimulation des follicules ainsi que l'augmentation de l'expression des récepteurs d'hormones follicule-stimulation et lutéales par les cellules de la granulosa. Donc, l'œstrogène peut être considéré comme un bon candidat pour analyser une éventuelle association entre les marqueurs moléculaires et l'efficacité de la reproduction à travers deux locus microsatellites (ETH225 et MM12) localisés sur le même chromosome que le récepteur d'estrogènes. En effet, les marqueurs ETH225,

MM12 et le gène du récepteur d'œstrogène (ESR1) se trouvent sur le chromosome BTA9, à 8 cM, environ 77 cM et à 9 cM, respectivement (Oliveira *et al.*, 2005).

Le test d'association entre les classes génotypiques des marqueurs microsatellites (ETH225 et MM12) et les performances de reproduction ont été déterminées par analyse de variance suivant le test de Tukey en utilisant le programme R version 3.1.0 (Bloomfield, 2014). Dans l'analyse, l'intervalle vêlage-vêlage (IVV) est considéré comme une variable dépendante et les classes génotypiques des allèles comme des variables indépendantes. Les génotypes ont été classés en fonction de la taille des allèles en homozygotes courts allèles, homozygotes longs allèles et hétérozygotes.

III.2. Résultats

III.2.1. Génotypage des loci microsatellites

La migration des produits PCR sur l'analyseur d'ADN Li-Cor a donné les profils alléliques des individus pour 11 loci (BM1818, BM2113, ETH10, ETH152, ETH225, HEL1, HEL9, INRA063, INRA037, MM12, TGLA53). Pour le marqueur TGLA122, aucun allèle n'a pu être amplifié. En fonction du marqueur considéré, des tailles paires et impaires sont distinguées en paires de bases. La figure 37 montre en exemple, les profils alléliques du marqueur HEL9 de quelques individus après migration verticale sur gel d'acrylamide-urée. Sur l'image, apparaissent les lignes des tailles attendues minimale et maximale pour ce marqueur. Les profils avec deux spots correspondent aux individus hétérozygotes et ceux à un spot sont caractéristiques d'individus homozygotes. L'ensemble des allèles obtenus à partir des 11 marqueurs microsatellites a permis d'avoir un jeu de données de 1320 génotypes. Toutes les analyses ont été effectuées à partir de ce fichier.

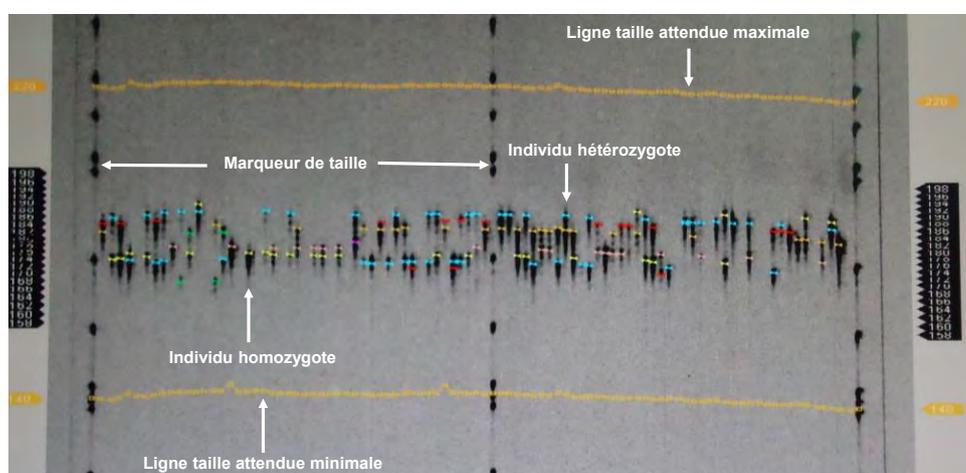


Figure 36 : Profils alléliques des individus après migration sur le séquenceur Li-Cor®.

III.2.2. Variabilité et équilibre génétique

III.2.2.1. Niveau locus

La variabilité génétique des populations a été mesurée grâce aux paramètres basiques de la diversité génétique. Tous les loci microsatellites se sont révélés polymorphes pour l'ensemble des échantillons. Au total, 115 allèles sont recensés sur un ensemble de 11 loci. La répartition par taille des allèles de chaque locus microsatellite en fonction de la population est donnée dans le tableau XXIV. Le nombre d'allèles observés par locus (N_a) montre une grande variabilité allélique entre loci, qui passe de 6 (INRA063) à 16 allèles (TGLA53) avec une valeur moyenne de 10,45 allèles par locus (Tableau XXV). L'indice de la richesse allélique (R_t) a révélé une grande hétérogénéité entre loci, avec 3,74 pour INRA063 à 8,20 pour TGLA53 pour une moyenne de 6,08. Tous les marqueurs ont montré des valeurs de PIC supérieures à 0,5 avec une moyenne de 0,76. La plupart des loci ont présenté un taux élevé d'hétérozygotie ($> 0,60$), à l'exception du locus INRA063, lequel a généré des taux d'hétérozygotie observée et attendue de 0,44 et 0,60, respectivement.

Sur les 11 loci analysés, trois (ETH225, HEL9, INRA037) ont présenté des valeurs de F_{IS} positives et significatives ($p < 0,05$) sur l'ensemble des populations. Parallèlement, le coefficient de consanguinité (F_{IS}) a présenté une valeur moyenne de 0,073 montrant un déficit significatif d'hétérozygotes ($p < 0,05$) sur l'ensemble des populations (Tableau XXV). Les tests d'équilibre de Hardy-Weinberg révèlent que les loci BM2113, ETH152, INRA063 et INRA037 ont dévié significativement dans toutes les populations avec des valeurs de χ^2 de 24,9024 ($p < 0,01$), 29,2500 ($p < 0,001$), 19,9543 ($p < 0,05$) et 15,2741 ($p < 0,05$), respectivement (Tableau XXV). Le test du déséquilibre de liaison génotypique entre paires de loci dans toutes les populations n'a donné que des p -values non significatives (Tableau XXVI). Autrement dit, aucune association aléatoire entre génotypes par paires de loci n'a été observée. Par conséquent, tous les 11 loci ont été retenus pour la suite des analyses de cette étude.

Tableau XXIV : Allèles identifiés par locus microsatellite chez les différentes populations. En gras = allèles privés : c.-à-d. allèles spécifiques d'une population ; surlignés = allèles dominants : allèles présentant la fréquence la plus élevée par locus parmi les populations bovines.

Locus	Djakoré	Zébu Gobra	Zébu Maure	N'Dama
BM1818	274, 276, 278, <u>280</u> , 282, 284, 286, 288 , 290, 292	274, 276, 278, <u>280</u> , 282, 284, 286, 290	274, 278, <u>280</u> , 282, 284, 286, 290	274, 276, 278, <u>280</u> , 282, 284, 286, 290
BM2113	140, 146, 148, 152, 154, 156, <u>158</u> , 160	140, 148, 152, 154, 156, <u>158</u> , 160, 164	140, 146, 148, 152, <u>154</u> , 156, 158, 160, 164	140, 148, 152, <u>156</u> , 158, 160
ETH10	225, 227, 229, 233, 235, <u>237</u> , 239, 241	<u>225</u> , 227, 229, 233, 235, <u>237</u> , 241	225, 227, 229, 233, 235, <u>237</u> , 239	225, 227, 229, 233, <u>235</u> , <u>237</u> , 239
ETH152	198, 202, 204 , <u>210</u> , 214, 216, 220, 224	198, 202, <u>210</u> , 214, 216, 220	198, 202, <u>210</u> , 214, 216, 220, 222	202, 210, <u>214</u> , 216
ETH225	158, 162, 164, 166, 170, <u>174</u>	158, 162, 164, 166, 170, <u>174</u>	158, 162, 164, 166, <u>174</u>	158, 162, <u>164</u> , 166, 170, 174, 176
HEL1	121, 123, 125, 127, <u>129</u> , 131, 139	121, <u>123</u> , 125, 127, 129, 131, 133, 137 , 139, 141	121, <u>123</u> , 125, 127, <u>129</u> , 131, 139	121, <u>123</u> , 125, 127, 129, 131, 133, 135
HEL9	164, 168, 172, 174, 176, 178, <u>182</u> , 184, 186, 188, 190	164, 166, 168, 172, <u>174</u> , 176, 180 , 182, 184, 186, 188	166, 170, <u>172</u> , 174, 176, 178, 182, 184, 186	170, 172, 174, 176, 182, 184, <u>186</u> , 188
INRA063	196, <u>202</u> , 204	196, 200, <u>202</u> , 204, 206	196, 200, <u>202</u> , 204	194 , <u>196</u> , 200, 202, 204
INRA037	138 , 140 , 142, 144, <u>148</u> , 150	142, 144, 146, <u>148</u> , 150, 152, 154	136 , 142, 144, 146, <u>148</u> , 150, 152	132 , 134 , <u>142</u> , 144, 146, 148, 150
MM12	119, 125, 133, 135, <u>137</u> , 139, 141, 143, 145, 149, 151, 157	125, 133, 135, 137, <u>139</u> , 141, 143, 151, 153 , 157	119, 125, 133, <u>137</u> , 139, 141, 143, 145, 149, 151	133, <u>137</u> , 139, 157
TGLA53	172 , <u>178</u> , 180, 184, 190, 192, 194, 198, 200, 202	<u>178</u> , 180, 186, 188, 190, 192, 194, 198, 200, 202	<u>178</u> , 182, 184, 188, 190, 194, 196 , 202, 204	174 , 180, 182, <u>184</u> , 186, 192

Tableau XXV : Résumé des paramètres génétiques mesurés par locus microsatellite. *N* (nombre d'individus typés par locus) ; *N_a* (nombre d'allèles observés par locus) ; *R_t* (richesse allélique par locus) ; *H_E* (hétérozygotie attendue non biaisée) ; *H_O* (hétérozygotie observée) ; *F_{IS}* (*f*) (coefficient de consanguinité de Weir et Cockerham, 1984) ; *PIC* (Contenu Informatif du Polymorphisme) ; *Chi2 EHW* (valeurs du *Chi2* du test d'équilibre de Hardy-Weinberg). NS: $p > 0,05$ = non significatif; *: $p < 0,05$ = significatif; **: $p < 0,01$ = très significatif; ***: $p < 0,001$ = hautement significatif.

Locus	Taille des allèles (pb)	N	Na	Rt	H _E	H _O	F _{IS} (WC)	PIC	Test d'EHW
									Chi carré
BM1818	274-292	89	10	6,482	0,840	0,876	-0,049	0,815	3,2851 ^{NS}
BM2113	140-164	85	9	6,578	0,847	0,671	0,194	0,823	24,9024**
ETH10	225-241	94	8	5,887	0,808	0,670	0,141	0,778	10,9206 ^{NS}
ETH152	198-224	96	9	5,247	0,775	0,708	-0,010	0,737	29,2500***
ETH225	158-176	89	7	5,005	0,739	0,640	0,103*	0,699	9,5284 ^{NS}
HEL1	121-141	102	11	6,369	0,844	0,814	0,023	0,820	8,9110 ^{NS}
HEL9	164-190	102	14	7,318	0,870	0,804	0,063*	0,851	11,6563 ^{NS}
INRA063	194-206	92	6	3,745	0,608	0,446	0,212	0,551	19,9543*
INRA037	132-154	74	12	5,750	0,802	0,716	0,048*	0,769	15,2741*
MM12	119-157	90	13	6,381	0,781	0,778	-0,014	0,750	4,9452 ^{NS}
TGLA53	172-204	58	16	8,204	0,866	0,724	0,136	0,847	13,0689 ^{NS}
Moyenne		88,27	10,455	6,088	0,798	0,713	0,073*	0,767	151,6963***

Tableau XXVI : Analyse du déséquilibre de liaison entre génotypes par paire de loci pour l'ensemble des populations bovines en utilisant le G-statistic (log-likelihood ratio). L'estimation des p-values du déséquilibre génotypique a été basée sur 550 000 permutations. Les niveaux de significativité au seuil de 5%, 1% et 0,1% sont obtenus à partir des p-values ajustées à 0,000091, 0,000018 et 0,000002, respectivement.

Paired loci	P-value	Paired loci	P-value
MB1818-BM2113	0,1816	ETH152-INRA037	0,0284
BM1818-ETH10	0,0375	ETH152-MM12	0,8576
BM1818-ETH152	0,2868	ETH152-TGLA53	0,3070
BM1818-ETH225	0,9314	ETH152-HEL9	0,2990
BM1818-HEL1	1	ETH225-HEL1	0,0175
BM1818-INRA063	0,5495	ETH225-INRA063	0,1284
BM1818-INRA037	0,4761	ETH225-INRA037	0,9961
BM1818-MM12	0,2689	ETH225-MM12	0,0333
BM1818-TGLA53	0,4756	ETH225-TGLA53	0,1332
BM1818-HEL9	0,7403	ETH225-HEL9	0,2199
BM2113-ETH10	0,3222	HEL1-INRA063	0,0292
BM2113-ETH152	0,0911	HEL1-INRA037	0,2497
BM2113-ETH225	0,4702	HEL1-MM12	0,7722
BM2113-HEL1	0,9070	HEL1-TGLA53	0,0388
BM2113-INRA063	0,1588	HEL1-HEL9	0,8280
BM2113-INRA037	0,5450	INRA063-INRA037	0,2448
BM2113-MM12	0,7789	INRA063-MM12	0,2223
BM2113-TGLA53	0,0106	INRA063-TGLA53	0,9740
BM2113-HEL9	0,7486	INRA063-HEL9	0,0749
ETH10-ETH152	0,7015	INRA037-MM12	0,5929
ETH10-ETH225	0,4697	INRA037-TGLA53	0,3922
ETH10-HEL1	0,9391	INRA037-HEL9	0,0783
ETH10-INRA063	0,0454	MM12-TGLA53	1
ETH10-INRA037	0,4256	MM12-HEL9	0,2987
ETH10-MM12	0,6968	TGLA53-HEL9	1
ETH10-TGLA53	0,4649		
ETH10-HEL9	0,3899		
ETH152-ETH225	0,0467		
ETH152-HEL1	0,1297		
ETH152-INRA063	0,1082		

III.2.2.2. Niveau population

Le diagnostic du logiciel Micro-Checker montre la présence d'allèles nuls que sur les loci BM2113 et INRA063 dans la population zébu Gobra et sur le locus HEL1 dans la population zébu Maure ; cependant, elle ne vérifie pas l'équilibre de Hardy-Weinberg. Les paramètres génétiques mesurés par population sont résumés dans le tableau XXVII et dans la figure 37. Le nombre moyen d'individus typés par population (N) a varié de $17 \pm 1,35$ chez la population N'Dama à $26,36 \pm 0,81$ chez la population Djakoré avec une moyenne de $22,06 \pm 0,74$ individus. Le nombre moyen d'allèles observés par population (Na) représente environ le double du nombre effectif moyen d'allèles (Ne), lequel a varié de $3,68 \pm 0,30$ chez la population N'Dama à $4,89 \pm 0,40$ chez la population zébu Gobra. En considérant tous les loci, les allèles les plus couramment rencontrés dans l'ensemble des échantillons ont présenté au moins une fréquence supérieure à 18% (Annexe 9). Le nombre moyen d'allèles privés (NPA) par population ou la proportion d'allèles rares varie de $0,36 \pm 0,20$ chez zébu Maure à $0,72 \pm 0,27$ chez Djakoré avec une moyenne de $0,54 \pm 0,07$. Parmi les allèles privés trouvés sur l'ensemble des populations bovines, trois apparaissent avec une fréquence supérieure à 5%, ce sont : INRA063-206 pb (5,3%), INRA037-134 pb (11,5%) et TGLA53-174 pb (6,3%) (Tableau XXVIII).

Tableau XXVII : Résumé des paramètres génétiques mesurés par population. *n* (nombre d'individus échantillonnés par population) ; *N* (nombre moyen d'individus typés par population) ; *H_o* (hétérozygotie moyenne observée par population), *H_E* (hétérozygotie moyenne attendue non biaisée par population), *F_{IS}* (*f*) (coefficient de consanguinité de Weir et Cockerham, 1984) ; *Chi2 EHW* (valeurs du *Chi2* du test d'équilibre de Hardy-Weinberg) ; *PIC* (contenu informatif du polymorphisme par population). *NS*: $p > 0,05$ = non significatif ; * : $p < 0,05$ = significatif ; ** : $p < 0,01$ = très significatif ; *** : $p < 0,001$: hautement significatif. #Les moyennes qui ne sont pas suivies des mêmes lettres sont significativement différentes ($p < 0,05$).

Populations	n	N (\pm SE)	H _E (\pm SD)	H _o (\pm SD)	F _{IS} (WC)	Chi2 EHW	PIC [#]
Djakoré	30	26,36 \pm 0,81	0,772 \pm 0,140	0,752 \pm 0,188	0,026 ^{NS}	47,9838 ^{**}	0,728 ^a
Zébu Gobra	30	22,09 \pm 0,95	0,799 \pm 0,062	0,719 \pm 0,134	0,102 [*]	34,2489 [*]	0,752 ^b
Zébu Maure	30	22,81 \pm 1,26	0,769 \pm 0,099	0,725 \pm 0,113	0,059 [*]	36,2507 [*]	0,719 ^c
N'Dama	30	17 \pm 1,35	0,730 \pm 0,106	0,643 \pm 0,152	0,123 [*]	33,2128 [*]	0,667 ^d
Ensemble	120	22,06 \pm 0,74	0,768 \pm 0,047	0,710 \pm 0,047	0,073 \pm 0,026 [*]	151,6963 ^{***}	0,716 \pm 0,036

SE : Standard Error, SD : Standard Deviation.

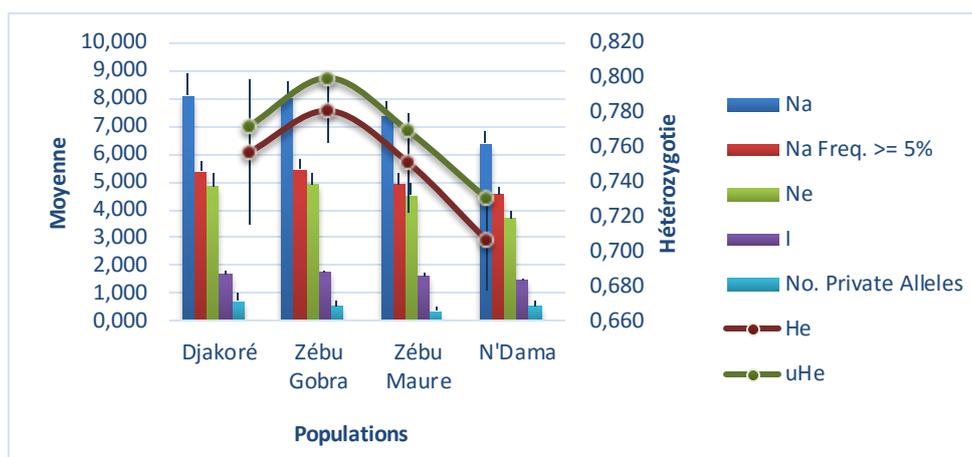


Figure 37 : Moyennes ($\pm SE$) des paramètres génétiques estimés par population. N_a (nombre moyen d'allèles observés par population) ; $N_a \text{ Freq. } \geq 5\%$ (nombre moyen d'allèles observés avec une fréquence $\geq 5\%$) ; $N_e = 1/\sum p_i^2$ (nombre effectif moyen d'allèles par population) ; I (Index Informatif de Shannon) ; No. Private Alleles (nombre moyen d'allèles privés par population) ; H_e (hétérozygotie attendue) ; uH_e (hétérozygotie attendue non biaisée).

Tableau XXVIII : Liste des allèles privés et leurs fréquences par population. *Allèles avec une fréquence $> 5\%$.

Populations	Locus	Allèles	Fréquences
Djakoré	BM1818	288	0,019
		292	0,019
	ETH152	204	0,019
		224	0,019
	INRA037	138	0,022
		140	0,022
	TGLA53	172	0,048
HEL9	190	0,017	
Zébu Gobra	HEL1	137	0,020
		141	0,040
	INRA063	206	0,053*
	INRA037	154	0,029
	MM12	153	0,023
	HEL9	180	0,040
Zébu Maure	ETH152	222	0,021
		136	0,024
	TGLA53	196	0,042
		204	0,042
N'Dama	ETH225	176	0,036
	HEL1	135	0,025
	INRA063	194	0,022
	INRA037	132	0,038
		134	0,115*
	TGLA53	174	0,063*

L'indice de la richesse allélique (R_s) par population varie de 5,14 chez la population N'Dama à 6,10 chez la population zébu Gobra (Tableau XXIX). Les valeurs observées de l'hétérozygotie sont inférieures à celles attendues, mais présentent des niveaux élevés chez toutes les populations ($> 0,60$) avec des valeurs moyennes de $0,71 \pm 0,04$ et $0,76 \pm 0,04$ pour H_O et H_E , respectivement. La diversité génique (H_s) a aussi présenté des taux élevés qui varient entre 0,73 chez la population N'Dama et 0,80 chez la population zébu Gobra (Tableau XXIX).

La population zébu Gobra présente la valeur de PIC la plus élevée (0,75) et la valeur la plus faible s'observe chez la population N'Dama (0,66). Les différences obtenues entre les valeurs moyennes du PIC indiquent que zébu Gobra est la population qui présente la plus forte variabilité génétique. Toutes les populations ont présenté des valeurs de l'index informatif de Shannon différentes de zéro avec une moyenne de $1,63 \pm 0,05$. Des différences très significatives de cet index ($p < 0,01$) ont été trouvées entre N'Dama et les autres populations (Tableau XXX). Cependant, entre les populations zébu Gobra, zébu Maure et Djakoré, aucune différence significative n'a été observée ($p > 0,05$) (Tableau XXX). N'Dama se montre comme étant la population qui présente la plus faible variabilité génétique intra-population.

Par ailleurs, on observe un déficit d'hétérozygotie significatif ($p < 0,05$) dans trois populations étudiées malgré la forte richesse allélique observée dans la population totale (Tableau XXVII). Chez toutes les populations, les tests d'écart à l'équilibre de Hardy-Weinberg sont significatifs ($p < 0,05$) pour au moins un locus et pour la majorité des trois populations pour 4 loci (Tableau XXXI). Pour l'ensemble des loci, les résultats montrent une déviation significative à l'équilibre de Hardy-Weinberg de la population totale, exprimées par une valeur moyenne de χ^2 très significative (151,6963, $p < 0,001$) (Tableau XXVII).

Tableau XXIX : Paramètres génétiques estimés par locus microsatellite et par population. PEHW (p-values du test d'équilibre de Hardy-Weinberg). Les valeurs en gras correspondent aux tests significatifs (pourcentages de répétitions présentant une valeur du F_{IS} inférieure à celle observée, c'est à dire > à 95%) ; NS: $p > 0,05$ = non significatif ; S*: $p < 0,05$ = significatif; S** : $p < 0,01$ = très significatif; S*** : $p < 0,001$: hautement significatif.

Locus	Djakoré									Zébu Gobra								
	N	Na	Rs	H _O	H _E	F _{IS}	PIC	H _S	PEHW	N	Na	Rs	H _O	H _E	F _{IS}	PIC	H _S	PEHW
BM1818	27	10	6,756	0,926	0,854	-0,086	0,818	0,853	NS	24	8	6,245	0,833	0,833	0	0,792	0,833	NS
BM2113	25	8	6,165	0,760	0,815	0,068	0,772	0,816	NS	24	8	6,653	0,542	0,858	0,373	0,820	0,865	S**
ETH10	25	8	6,254	0,840	0,829	-0,013	0,788	0,829	NS	22	7	5,450	0,591	0,773	0,239	0,721	0,777	NS
ETH152	26	8	6,077	0,885	0,835	-0,060	0,794	0,834	S***	26	6	4,908	0,769	0,742	-0,037	0,689	0,742	NS
ETH225	28	6	4,780	0,643	0,722	0,111	0,669	0,724	NS	22	6	4,611	0,682	0,708	0,038	0,652	0,709	NS
HEL1	29	7	5,871	0,897	0,831	-0,080	0,791	0,829	NS	25	10	7,314	0,880	0,873	-0,008	0,839	0,873	NS
HEL9	30	11	7,182	0,800	0,871	0,082	0,840	0,872	NS	25	11	7,773	0,840	0,870	0,035	0,838	0,871	NS
INRA063	28	3	2,620	0,250	0,382	0,350	0,334	0,385	S*	19	5	4,330	0,474	0,700	0,329	0,634	0,706	NS
INRA037	23	6	4,237	0,783	0,694	-0,131	0,623	0,692	NS	17	7	5,719	0,706	0,802	0,123	0,748	0,805	NS
MM12	28	12	7,539	0,821	0,840	0,033	0,816	0,850	NS	22	10	6,781	0,773	0,796	0,029	0,754	0,797	NS
TGLA53	21	10	6,777	0,667	0,810	0,180	0,768	0,813	S*	17	10	7,396	0,824	0,836	0,015	0,792	0,836	NS
Moyenne	26,36	8,091	5,842	0,752	0,771	0,026	0,728	0,772	S**	22,09	8	6,107	0,719	0,799	0,102	0,752	0,801	S*

Locus	Zébu Maure									N'Dama								
	N	Na	Rs	H _O	H _E	PIC	F _{IS}	H _S	PEHW	N	Na	Rs	H _O	H _E	PIC	F _{IS}	H _S	PEHW
BM1818	22	7	5,894	0,864	0,831	0,785	-0,040	0,830	NS	16	8	5,968	0,875	0,821	0,765	-0,068	0,819	NS
BM2113	22	9	6,410	0,727	0,818	0,775	0,113	0,820	NS	14	6	5,434	0,643	0,815	0,753	0,217	0,821	NS
ETH10	26	7	5,311	0,654	0,784	0,734	0,168	0,786	NS	21	7	4,931	0,571	0,713	0,646	0,202	0,717	NS
ETH152	24	7	4,256	0,750	0,640	0,578	-0,176	0,638	NS	20	4	3,546	0,350	0,517	0,466	0,328	0,521	S*
ETH225	25	5	4,203	0,560	0,665	0,607	0,161	0,668	NS	14	7	5,783	0,714	0,783	0,722	0,090	0,786	NS
HEL1	28	7	6,075	0,643	0,842	0,804	0,240	0,846	S*	20	8	5,483	0,850	0,771	0,714	-0,106	0,768	NS
HEL9	26	9	7,062	0,883	0,867	0,833	-0,020	0,867	NS	21	8	6,422	0,667	0,867	0,765	0,177	0,811	NS
INRA063	22	4	3,682	0,591	0,580	0,523	-0,018	0,580	NS	23	5	3,657	0,522	0,655	0,576	0,207	0,658	NS
INRA037	21	7	5,684	0,762	0,811	0,761	0,061	0,812	NS	13	7	5,647	0,538	0,689	0,634	0,225	0,696	S*
MM12	23	10	5,960	0,870	0,744	0,694	-0,173	0,741	NS	17	4	3,694	0,588	0,626	0,554	0,061	0,627	NS
TGLA53	12	9	7,688	0,667	0,877	0,821	0,247	0,886	NS	8	6	6	0,750	0,833	0,748	0,106	0,839	NS
Moyenne	22,81	7,364	5,657	0,724	0,769	0,719	0,059	0,770	S*	17	6,364	5,142	0,642	0,735	0,667	0,123	0,733	S*

Tableau XXX : Valeurs de l'index informatif de Shannon entre paires de populations sur l'ensemble des 11 loci. *I* (Index informatif de Shannon) ; NS: $p > 0,05$ = non significatif; ** : $p < 0,01$: très significatif.

Païres de populations	I	P-value
Djakoré - Zébu Gobra	0,068	0,654 ^{NS}
Djakoré - Zébu Maure	0,077	0,244 ^{NS}
Zébu Gobra - Zébu Maure	0,069	0,660 ^{NS}
Djakoré - N'Dama	0,198	0,001 ^{**}
Zébu Gobra - N'Dama	0,207	0,001 ^{**}
Zébu Maure- N'Dama	0,223	0,001 ^{**}

Tableau XXXI : Test d'équilibre de Hardy-Weinberg par locus et par population, par estimation exacte des p-values. NS: $p > 0,05$ = non significatif; * : $p < 0,05$ = significatif; ** : $p < 0,01$ = très significatif; *** : $p < 0,001$: hautement significatif.

Locus	Populations bovines				Overall
	Djakoré	Zébu Gobra	Zébu Maure	N'Dama	
BM1818	NS	NS	NS	NS	NS
BM2113	NS	0,0013 ^{**}	NS	NS	0,0016 ^{**}
ETH10	NS	NS	NS	NS	NS
ETH152	0,0001 ^{***}	NS	NS	0,0460 [*]	0,0003 ^{***}
ETH225	NS	NS	NS	NS	NS
HEL1	NS	NS	0,0395 [*]	NS	NS
HEL9	NS	NS	NS	NS	NS
INRA063	0,0352 [*]	NS	NS	NS	0,0105 [*]
INRA037	NS	NS	NS	0,0266 [*]	0,0540 [*]
MM12	NS	NS	NS	NS	NS
TGLA53	0,0330 [*]	NS	NS	NS	NS
Moyenne	0,0011 ^{**}	0,0463 [*]	0,0285 [*]	0,0589 [*]	0,0000 ^{***}

III.2.3. Différenciation génétique

III.2.3.1. Niveau locus

Globalement, un déficit d'hétérozygotes significatif ($p < 0,05$) de 11,7% est observé dans la population totale (F_{IT}). Trois loci (ETH152, ETH225 et INRA037) ont contribué significativement au déficit d'hétérozygotie global (F_{IT}) (Tableau XXXII). En considérant l'ensemble des loci, la différenciation génétique globale entre populations (F_{ST}) est modérée (0,047) et significative ($p < 0,05$). Dans l'ensemble, seulement cinq loci (dont BM2113, ETH10, ETH225, MM12 et TGLA53) ont contribué significativement à la différenciation génétique globale (Tableau XXXII). Toutefois, le coefficient de différenciation génétique (G_{ST}) indique que 4,2% de la diversité totale est due à une diversité génétique très significative ($p < 0,01$) entre populations. La valeur moyenne du D_{ST} sur l'ensemble des loci montre que 3,4% de la diversité totale est attribuée à la diversité génétique inter-populations. Quant au flux génique moyen estimé sur l'ensemble des populations, il est de 5,06.

Tableau XXXII : Paramètres de différenciation génétique estimés par locus sur l'ensemble des populations. F_{IT} (F) et F_{ST} (θ) de Weir et Cockerham (1984), G_{ST} de Nei et Chesser (1983), D_{ST} de Nei (1987) et flux génique, Nm (Wright, 1969). *: $p < 0,05$ = significatif; **: $p < 0,01$ = très significatif.

Locus	F_{IT}	F_{ST}	G_{ST}	D_{ST}	Nm
BM1818	-0,042	0,006	0,008	0,007	41,41
BM2113	0,215	0,026*	0,024**	0,020	9,36
ETH10	0,181	0,047*	0,040**	0,032	5,06
ETH152	0,116*	0,133	0,113**	0,087	1,62
ETH225	0,145*	0,047*	0,049**	0,037	5,06
HEL1	0,041	0,018	0,016*	0,013	13,63
HEL9	0,081	0,019	0,016**	0,014	12,90
INRA063	0,285	0,092	0,064**	0,040	2,46
INRA037	0,126*	0,082	0,077**	0,063	2,79
MM12	0,011	0,024*	0,021*	0,016	10,16
TGLA53	0,175	0,045*	0,051**	0,045	5,30
Moyenne (\pm SE)	0,117 \pm 0,027*	0,047 \pm 0,011*	0,042 \pm 0,010**	0,034 \pm 0,007*	5,06

III.2.3.2. Niveau population

Les tableaux XXXIII et XXXIV présentent les valeurs du F_{ST} (θ) et de la distance génétique D_R , et de l'estimateur θ_{RH} entre paires de populations, respectivement.

Le F_{ST} exprime d'une part des valeurs très faibles et non significatives entre zébu Gobra et Djakoré (0,007) et d'autre part entre zébu Gobra et zébu Maure (0,003). Cependant, on observe une différenciation génétique faible (0,010) et significative ($p < 0,05$) entre Djakoré et zébu Maure. Entre N'Dama et les autres populations, on note une différenciation génétique modérée et significative ($p < 0,05$). La valeur du F_{ST} la plus élevée est obtenue entre Djakoré et N'Dama (0,107). Les valeurs de la distance génétique D_R entre populations évoluent dans le même sens que le F_{ST} (Tableau XXXIII).

Etant donné que de faibles valeurs de F_{ST} ($< 0,10$) sont observées entre ces populations, nous avons donc choisi de tester la différenciation génétique avec l'estimateur θ_{RH} qui exprime une variance relativement plus faible pour de modestes valeurs de F_{ST} . Les tests effectués montrent d'une part une très faible différenciation génétique ($p < 0,05$) entre Djakoré et les populations de zébus (Gobra et Maure); et d'autre part ils confirment la différenciation génétique très marquée entre N'Dama et les autres populations (Tableau XXXIV).

Tableau XXXIII : Estimation de la différenciation génétique entre paires de populations par le F_{ST} (θ , Weir et Cockerham, 1984) et la distance génétique de Reynolds (D_R) (Reynolds, Weir et Cockerham, 1983). Les valeurs du F_{ST} sont au-dessus de la diagonale et celles de D_R en dessous. Avec $D_R = -\ln(1-F_{ST})$. Les valeurs en gras correspondent aux tests significatifs (pourcentages de répétitions présentant une valeur de F_{ST} inférieure à celle observée, c'est à dire $> \alpha$ 95%).

Populations	Djakoré	Zébu Gobra	Zébu Maure	N'Dama
Djakoré	—	0,007	0,010	0,107
Zébu Gobra	0,007	—	0,003	0,097
Zébu Maure	0,010	0,003	—	0,098
N'Dama	0,113	0,102	0,104	—

Tableau XXXIV: Estimation du F_{ST} selon Robertson et Hill (1984) par l'estimateur θ_{RH} . Les valeurs en gras correspondent aux tests significatifs (pourcentages de répétitions présentant une valeur de θ_{RH} inférieure à celle observée, c'est à dire $> \alpha$ 95%).

Paires de populations	θ_{RH}
Djakoré - Zébu Gobra	0,004
Djakoré - Zébu Maure	0,006
Zébu Gobra - Zébu Maure	0,004
Djakoré - N'Dama	0,050
Zébu Gobra - N'Dama	0,047
Zébu Maure- N'Dama	0,049

En ce qui concerne le test d'homogénéité des fréquences alléliques (G_{ST}), les résultats révèlent une diversité génétique assez modérée (5%) ($p < 0,01$) entre N'Dama et les autres populations (Tableau XXXV). La diversité génétique entre Djakoré et zébu Maure est très faible (0,5%) et significative ($p < 0,05$). Cependant, la part de diversité génétique relative à celle totale trouvée entre Djakoré et zébu Gobra (0,4%) est très faible et non significative ($p > 0,05$) (Tableau XXXV). Ce qui montre que la diversité génétique trouvée entre Djakoré et zébu Gobra est plus faible que celle observée entre Djakoré et zébu Maure.

Tableau XXXV : Estimation de la diversité génétique par le G_{ST} entre paires de populations. NS : $p > 0,05$ = non significatif; * : $p < 0,05$ = significatif; ** : $p < 0,01$ = très significatif.

Paires de populations	G_{ST}	P-value
Djakoré - Zébu Gobra	0,004	0,069 ^{NS}
Djakoré - Zébu Maure	0,005	0,031*
Zébu Gobra - Zébu Maure	0,002	0,235 ^{NS}
Djakoré - N'Dama	0,058	0,001**
Zébu Gobra - N'Dama	0,052	0,001**
Zébu Maure- N'Dama	0,054	0,001**
Ensemble	0,042	0,001**

Le tableau XXXVI présente les valeurs du flux génique entre populations au-dessus de la diagonale et les valeurs logarithmiques en dessous. Des valeurs très élevées du flux génique sont trouvées entre les populations Djakoré, zébu Gobra et zébu Maure. Le flux génique le plus élevé est obtenu entre les populations de zébus (68,81). Par contre, le flux génique reste le plus faible (2,08) entre les populations N'Dama et Djakoré.

Tableau XXXVI : Estimation du flux génique entre paires de populations. Les valeurs du N_m de Wright (1969) sont au-dessus de la diagonale et celles du $\log(N_m)$ en dessous.

Populations	Djakoré	Zébu Gobra	Zébu Maure	N'Dama
Djakoré	—	34,71	24,69	2,08
Zébu Gobra	1,54	—	68,81	2,32
Zébu Maure	1,39	1,83	—	2,28
N'Dama	0,31	0,36	0,35	—

Le tableau XXXVII présente les valeurs des distances génétiques (D_S et D_A) entre populations. La plus grande distance génétique d'entre ces populations est obtenue entre Djakoré et N'Dama avec des valeurs de 0,460 et de 0,107 pour D_S et D_A , respectivement. Avec

la distance génétique D_S , la plus faible valeur (0,018) est obtenue entre les populations de zébus (Gobra et Maure); tandis qu'avec la distance angulaire D_A , la plus faible valeur (0,041) est observée entre Djakoré et zébu Maure (Tableau XXXVII).

Tableau XXXVII : Estimation des distances génétiques entre paires de populations. Les valeurs de la distance génétique standard non biaisée de Nei (D_S ; Nei, 1978) sont au-dessus de la diagonale et celles de la distance génétique corrigée de Cavalli-Sforza et Edwards (1967) (D_A ; Nei et al., 1983) en dessous.

Populations	Djakoré	Zébu Gobra	Zébu Maure	N'Dama
Djakoré	—	0,029	0,038	0,460
Zébu Gobra	0,036	—	0,018	0,442
Zébu Maure	0,041	0,042	—	0,412
N'Dama	0,107	0,102	0,104	—

III.2.4. Relations phylogénétiques entre populations

Les dendrogrammes enracinés par *Syncerus caffer* (Buffle Africain) montrent que les populations étudiées se séparent en deux clades parfaitement distincts soutenus par une valeur de bootstrap de 100% (Figure 38, 39 et 40). Le clade formé par la population N'Dama est soutenu par une forte valeur de bootstrap de 100% dans tous les dendrogrammes (Figure 38, 39 et 40). Le second clade qui réunit les populations zébu Gobra, zébu Maure et Djakoré est supporté par une valeur de bootstrap de 100% dans les arbres obtenus avec la méthode du Neighbor Joining (Figure 39 et 40) et de 62% dans l'arbre construit avec la méthode d'UPGMA (Figure 38). Selon les distances génétiques D_A et D_C , la population Djakoré est génétiquement plus apparentée au zébu Gobra qu'au N'Dama. Les valeurs de bootstrap inférieures à 95% montrent cependant que Djakoré et zébu Gobra constituent deux populations distinctes (Figure 38 et 40). L'arbre obtenu par la distance des allèles partagés (D_{AS}) décrit par ailleurs une étroite relation entre les populations zébu Maure et zébu Gobra avec une valeur de bootstrap de 54%.

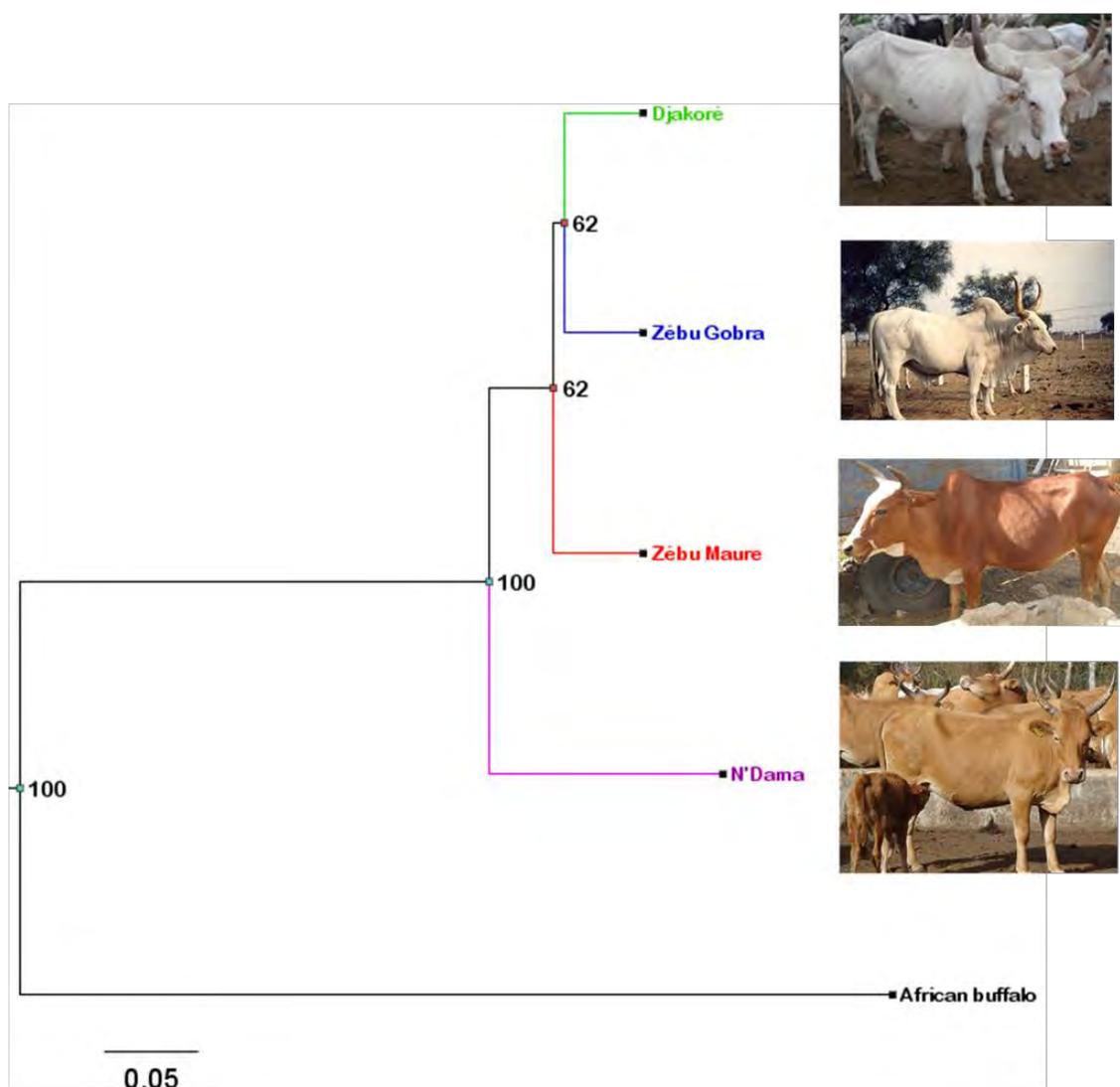


Figure 38 : Arbre phylogénétique inféré de la distance D_A (Nei et al., 1983) par l'algorithme UPGMA montrant les relations génétiques entre populations. Les nœuds sont supportés par des pourcentages de bootstrap obtenus après 10 000 répliques. L'échelle linéaire rapporte à l'unité de longueur des branches de D_A . *Syncerus caffer* (Buffle Africain) est supportée par la branche la plus longue qui la sépare des autres populations bovines.

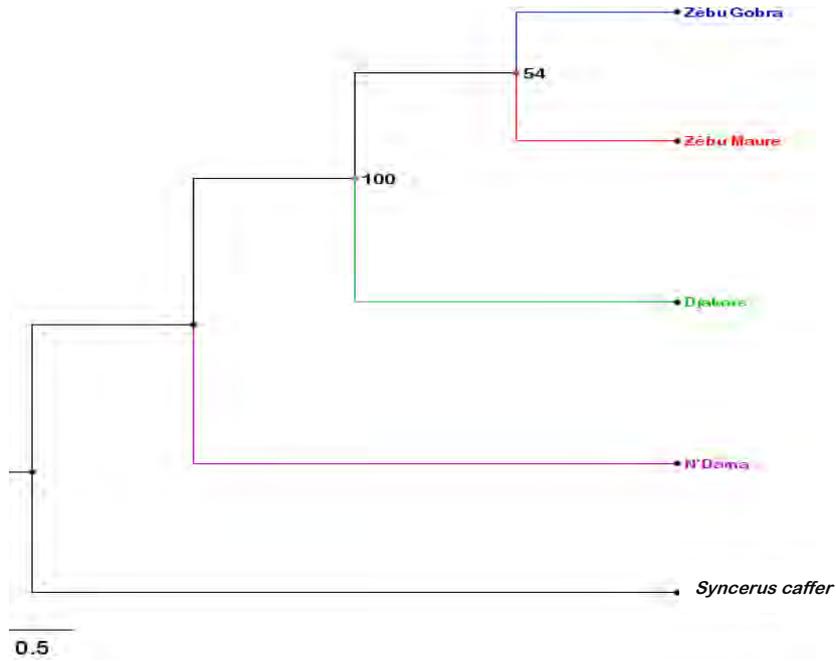


Figure 39 : Arbre consensus des populations construit à partir de la matrice de distance D_{AS} de Chakraborty et Jin (1993) par la méthode du Neighbor-Joining (NJ) montrant les relations génétiques entre populations. Les nombres indiquent les pourcentages d'apparition des nœuds obtenus après 10 000 réplifications. L'échelle linéaire rapporte à l'unité de longueur des branches de D_{AS} . *Syncerus caffer* (Buffle Africain) est l'out-group qui a permis d'enraciner ce dendrogramme.

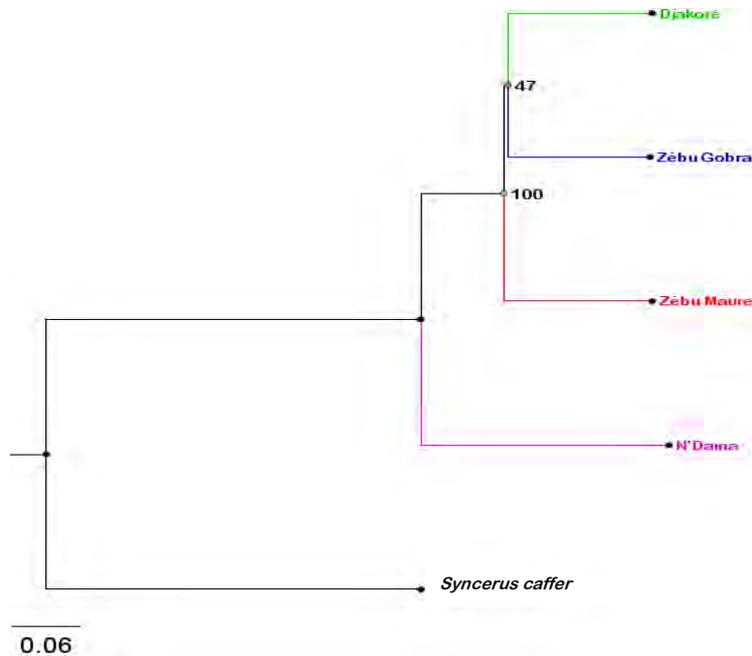


Figure 40 : Arbre de Neighbor-Joining (NJ) montrant les relations génétiques entre populations, inféré de la distance D_C de Cavalli-Sforza et Edwards (1967). Les nombres représentent les pourcentages d'occurrence des nœuds obtenus après 10 000 réplifications. L'échelle linéaire rapporte à l'unité de longueur des branches de D_C . *Syncerus caffer* (Buffle Africain) est l'out-group.

III.2.5. Structure génétique des populations

III.2.5.1. Analyse de goulot d'étranglement démographique

Les résultats de l'analyse de goulot démographique montre un excès d'hétérozygotie hautement significatif avec le modèle IAM chez toutes les populations ($p < 0,0001$) (Tableau XXXVIII). Avec le modèle TPM, un excès d'hétérozygotie significatif est détecté uniquement chez la population Djakoré ($p < 0,05$). Donc, l'hypothèse nulle à l'équilibre mutation-dérive est rejetée dans tous les tests sous le modèle IAM et dans un test avec le modèle TPM. Avec le modèle SMM, l'hypothèse nulle à l'équilibre mutation-dérive est acceptée dans tous les tests ($p > 0,05$) (Tableau XXXVIII). Pour l'ensemble des populations, l'excès d'hétérozygotie est hautement significatif sous le modèle IAM, alors qu'avec les modèles TPM et SMM, il est non significatif. Ces résultats traduisent l'absence de goulot génétique récent (hypothèse nulle acceptée). D'autre part, le test de l'indicateur mode-shift indique que la répartition des fréquences alléliques suit la distribution normale en forme de "L" (Figure 41). Ceci montre que les allèles à faible fréquence sont les plus nombreux et sont en effet caractéristiques d'une population qui n'a pas subi récemment un événement de goulot démographique.

Tableau XXXVIII : Analyse de signatures de goulot d'étranglement récent des populations par le test de Wilcoxon. *Les p-values correspondent aux tests de Wilcoxon unilatéraux montrant un excès d'hétérozygotie significatif; S***: $p < 0,0001$ = hautement significatif; NS : non significatif.

Populations	Modèles de mutation		
	IAM	TPM	SMM
Djakoré	0,00024*	0,04150*	0,89697
Zébu Gobra	0,00049*	0,08740	0,86084
Zébu Maure	0,00464*	0,16016	0,68115
N'Dama	0,00806*	0,44922	0,98950
Ensemble	S***	NS	NS

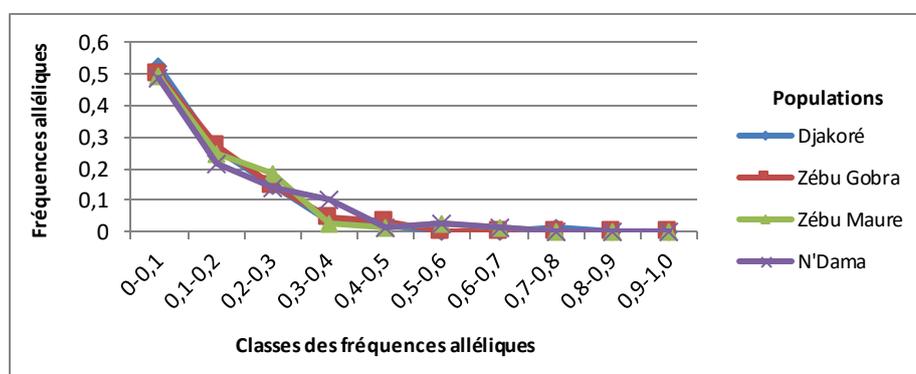


Figure 41 : Spectre des fréquences alléliques des populations bovines montrant une distribution normale en forme de "L" et l'absence de goulot génétique récent.

III.2.5.2. Analyses multivariées

La figure 42 décrit les relations génétiques entre populations par l'analyse en composantes principales (ACP). Au total, 97,67% de la variance génétique totale sont expliquées par les deux premières composantes de l'ACP. La première composante qui compte pour 92,07% de la variabilité distingue clairement N'Dama des autres populations. La seconde composante qui contribue pour 5,60% de la variabilité génétique sépare Djakoré des populations de zébus (Gobra et Maure). Par conséquent, dans l'espace multivarié défini par les deux premières composantes de l'ACP, zébu Gobra et zébu Maure se regroupent comme étant les populations les plus identiques au plan moléculaire comme cela a été démontré par la distance génétique (Ds).

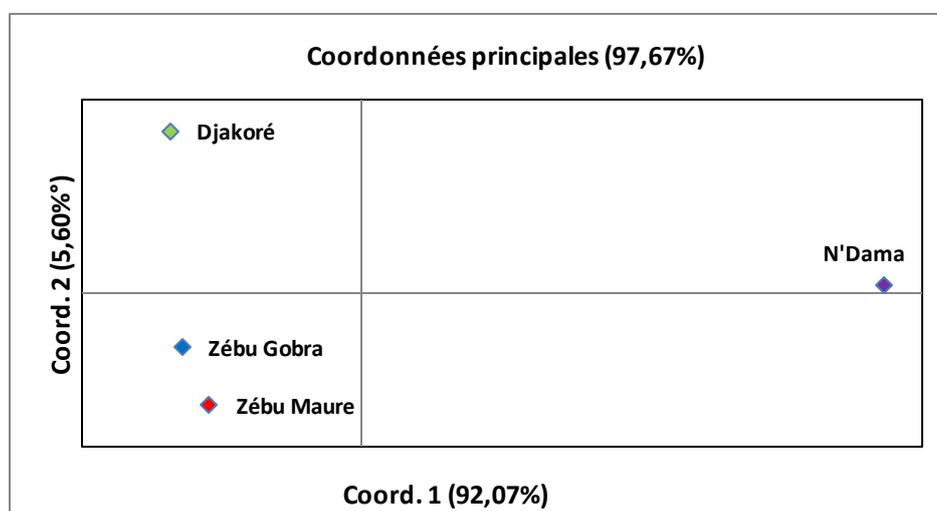


Figure 42 : Diagramme de l'Analyse en Composantes Principales (ACP) inférée de la matrice de Covariance de la distance génétique non biaisée (Ds) de Nei (1978).

Le premier axe de l'AFC des populations (Figure 43) qui exprime 59,03% de la variabilité génétique totale sépare clairement N'Dama et les populations zébu Gobra, zébu Maure et Djakoré. Le second axe qui traduit 21,56% de la variabilité génétique montre que Djakoré est génétiquement plus proche du zébu Gobra que du zébu Maure.

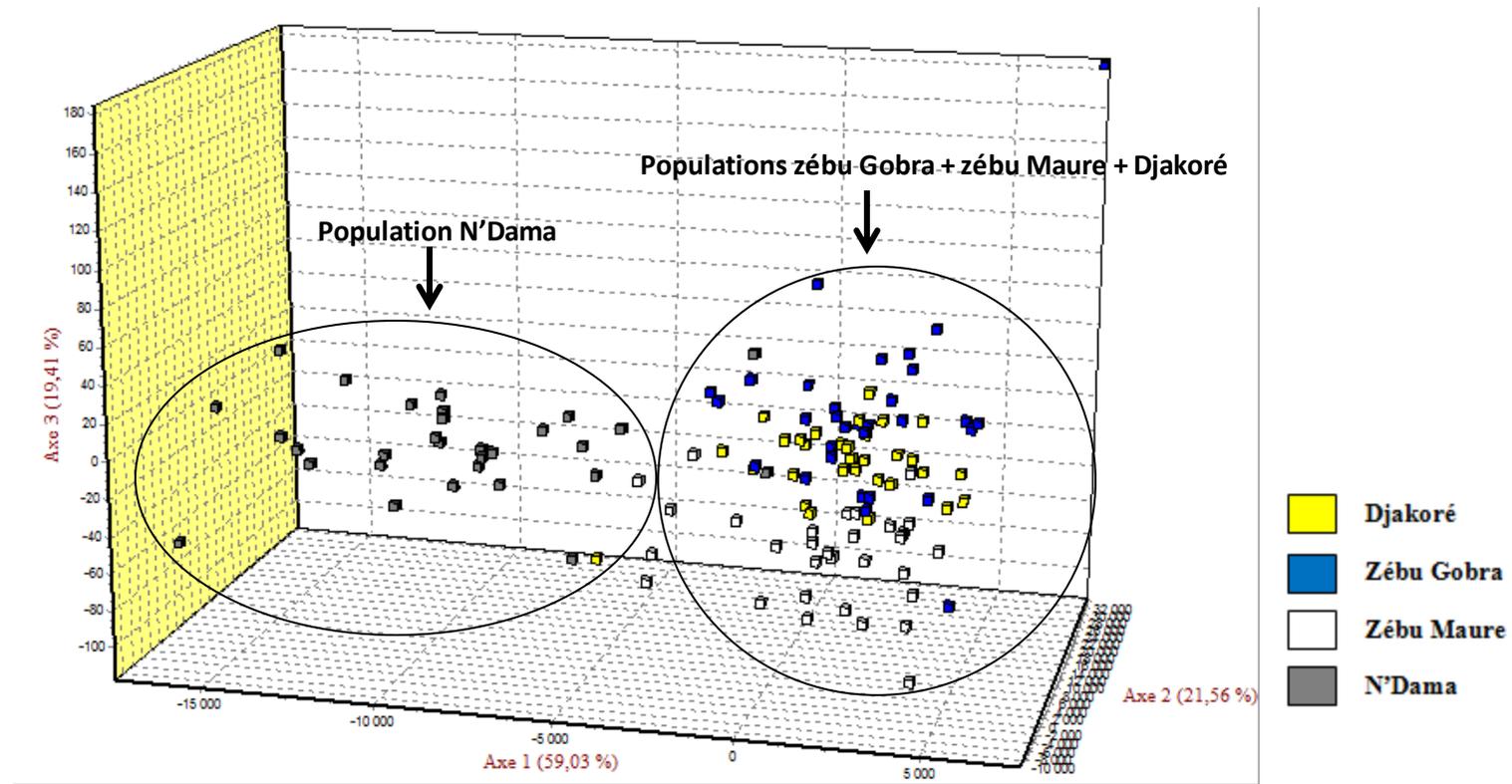


Figure 43 : Répartition de la variabilité génétique montrant les relations entre populations, exprimée par les pourcentages de variabilité des 3 premiers axes de l'AFC.

III.2.5.3. Analyse de variance moléculaire (AMOVA)

Le tableau XXXIX traduit la distribution de la variance moléculaire totale selon les trois niveaux hiérarchiques d'une population. Lorsque les populations sont considérées comme un seul groupe, 88,24% de la variabilité génétique totale sont dues aux différences entre individus qui se traduisent par un déficit d'hétérozygotie global ($F_{IT} = 11,7\%$) hautement significatif ($p < 0,001$). Cependant, le composant (V_a) montre que 4,76% de la variance génétique sont dues à une différenciation génétique modérée entre populations ($F_{ST} = 0,047$; $p < 0,001$).

Tableau XXXIX : Partition de la variance génétique entre différentes sources de variation par analyse de variance moléculaire (AMOVA) en utilisant 11 loci. ^(a)Populations : Djakoré, zébu Gobra, zébu Maure et N'Dama ; *** : $p < 0,001$ = hautement significatif.

Les populations sont considérées comme un seul groupe				
Source de variation	Somme des carrés	Composants de la variance	Pourcentage de variation	Indices de fixation
entre populations ^(a)	41,053	$V_a = 0,21178$	4,76	$F_{ST} = 0,047^{***}$
entre individus à l'intérieur des populations	381,251	$V_b = 0,31130$	7	$F_{IS} = 0,073^{***}$
entre individus	347	$V_c = 3,92371$	88,24	$F_{IT} = 0,117^{***}$
Total	769,304	$V_t = 4,44680$		

III.2.5.4. Détection de migrants de première génération et assignation génétique des individus

Les résultats de détection de migrants de première génération sont consignés en annexe 10 et ceux de l'assignation génétique des individus par rapport aux populations les plus probables sont présentés dans le tableau XL. Le rapport de vraisemblance ($L_{\text{origine}}/L_{\text{max}}$) via la méthode des fréquences alléliques de Paetkeau *et al.* (1995) révèle que 42,37% des individus de la population totale sont considérés comme des migrants de première génération au seuil de 5% (Annexe 10). Selon leurs génotypes multiloci, ces individus n'appartiennent pas aux populations où ils ont été échantillonnés. Par conséquent, ils ont donc été assignés aux populations où la vraisemblance est maximale.

Le tableau XL présente les pourcentages d'individus correctement assignés à leur population source selon l'approche exclusion-simulation. L'assignation par la méthode des fréquences alléliques indique que 50% des individus de la population totale ont été correctement assignés à leur population origine aux probabilités d'exclusion de 1% et de 0,1%. Djakoré et

N'Dama se présentent comme les populations les plus homogènes avec 53,3% et 71,4% de leurs individus correctement assignés au seuil le plus critique ($p < 0,001$), respectivement. Quant aux populations zébu Gobra et zébu Maure, les pourcentages des individus correctement assignés sont de 43,3% et 16,6%, respectivement. Ces pourcentages restent significativement inférieurs à 50%.

Lorsque les populations sont groupées selon la valeur du F_{ST} la plus élevée par paires de populations, 87,9% des individus des populations Djakoré et N'Dama sont correctement assignés au seuil de 1%. Les individus de ces deux populations sont génétiquement différenciés. Si elles sont groupées selon la valeur du F_{ST} la plus faible, 60% des individus des populations de zébus (Gobra et Maure) sont correctement assignés au seuil de 5%. Les individus de ces deux populations ne sont pas génétiquement différenciés (Tableau XL).

Tableau XL : Assignation génétique des individus à leur population source par l'approche exclusion-simulation de Cornuet et al. (1999) selon la population totale (F_{ST} moyen = 0,047). *Avec l'approche exclusion-simulation, un individu est correctement assigné à sa population d'origine (source) s'il est exclu des autres populations aux seuils de probabilité de 5%, 1% ou 0,1%.

Probabilités d'assignation	Pourcentages des individus correctement assignés		
	Exclusion- simulation (probabilité de rejet)*		
	P < 0,05	P < 0,01	P < 0,001
Assignation des populations			
Djakoré	40,0	43,3	53,3
Zébu Gobra	43,3	43,3	43,3
Zébu Maure	16,6	16,6	16,6
N'Dama	50,0	67,8	71,4
Ensemble	49,2	50,0	50,0
Assignation entre deux populations			
Zébu Maure - Zébu Gobra ($F_{ST} = 0,003$)	60,0	56,7	56,7
N'Dama - Djakoré ($F_{ST} = 0,107$)	82,2	87,9	86,2

III.2.5.5. Analyse bayésienne

Par les méthodes de vraisemblance et d'Evanno, les résultats indiquent que le nombre de groupes génétiques le plus probable en considérant toutes les populations est obtenu pour $K=3$ (Figure 44).

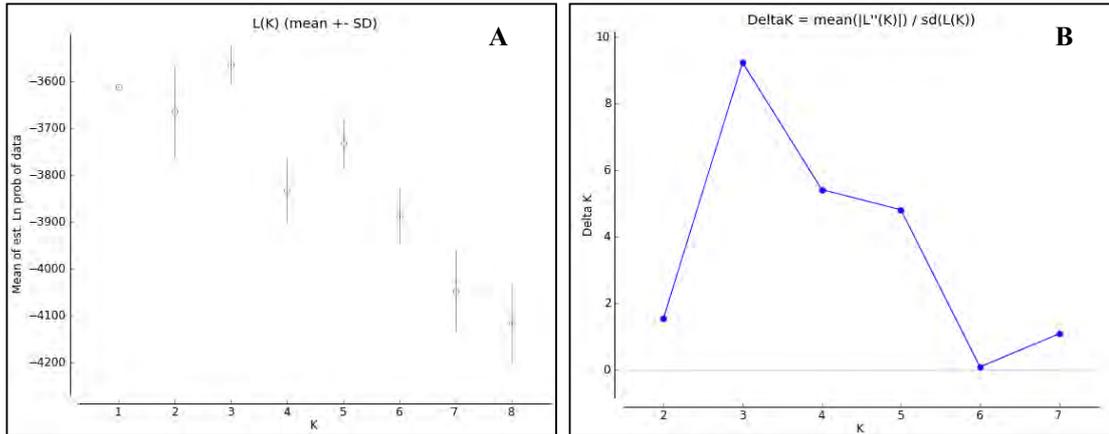


Figure 44 : Assignation génétique des individus des quatre populations par clustering. A) Probabilités postérieures moyennes ($L(K)$) des différentes valeurs de K ; B) La méthode d'Evanno.

La figure 45 décrit la structure génétique des populations étudiées à $K = 3$. Selon la composition en génotypes multiloci des individus, N'Dama est bien séparée des populations de zébu Gobra, zébu Maure et Djakoré. Les individus des quatre populations sont composés de trois génotypes multiloci qui se distinguent par trois couleurs différentes. Chaque individu est représenté par une fine barre verticale divisée en segments selon la probabilité de chaque génotype multiloci. Au vu des proportions des différents génotypes multiloci, les individus de la population N'Dama ont une composition génotypique plus homogène et dominée par le génotype multiloci en rouge. Cependant, quelques individus sont pourvus des trois génotypes. Par contre, chez les populations Djakoré, zébu Gobra et zébu Maure, les individus sont caractérisés par une composition génotypique très hétérogène, majoritairement représentée par deux génotypes multiloci (vert et bleu).

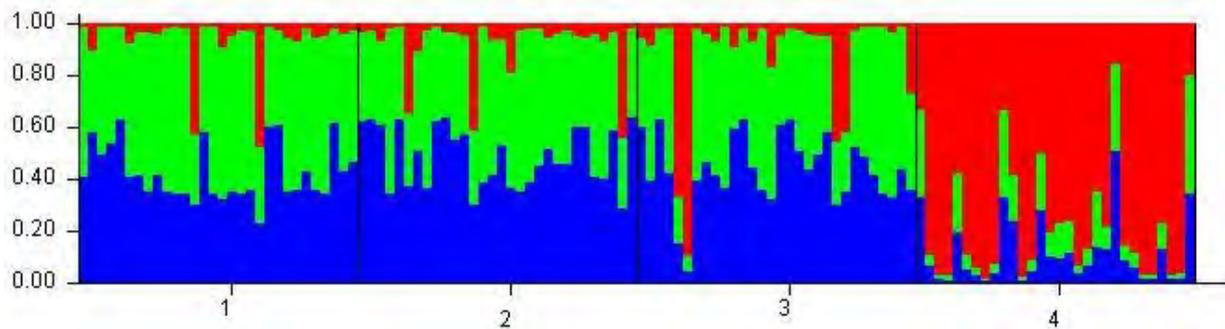


Figure 45 : Structure génétique des populations à $K=3$. La probabilité d'appartenance de chaque individu aux trois génotypes multiloci représentés par des couleurs différentes est donnée sur l'axe vertical. Les chiffres indiquent respectivement les populations Djakoré, zébu Gobra, zébu Maure et N'Dama.

La figure 46 décrit par ailleurs la distribution des trois génotypes multiloci en fonction des trois groupes génétiques identifiés. Dans le groupe génétique 1, 76,8% des individus de la population N'Dama y sont correctement assignés, alors que les autres populations y sont représentées à des pourcentages très faibles (Tableau XLI). Le groupe génétique 1 est donc largement constitué par le génotype multiloci N'Dama (rouge). Cependant, dans les groupes génétiques 2 et 3, les individus des populations Djakoré et zébu Gobra y sont majoritairement assignés avec des pourcentages significatifs de 51,3% et 49%, respectivement (Tableau XLI). Quant à la population zébu Maure, les individus se trouvent inégalement répartis entre les trois groupes génétiques à des pourcentages respectifs de 12,3%, 44,1% et 43%. Ces trois populations ont un pool génétique hétérogène caractérisé par deux principaux génotypes multiloci (vert et bleu). Cela montre que la différence entre les groupes génétiques 2 et 3 se trouve dans l'inégalité des proportions des deux principaux génotypes qui les composent. Dans le groupe génétique 2, c'est le génotype multiloci en vert du Djakoré qui est majoritaire ; alors que dans le groupe génétique 3, c'est le génotype multiloci en bleu des zébus (Gobra et Maure) qui prédomine (Figure 46).

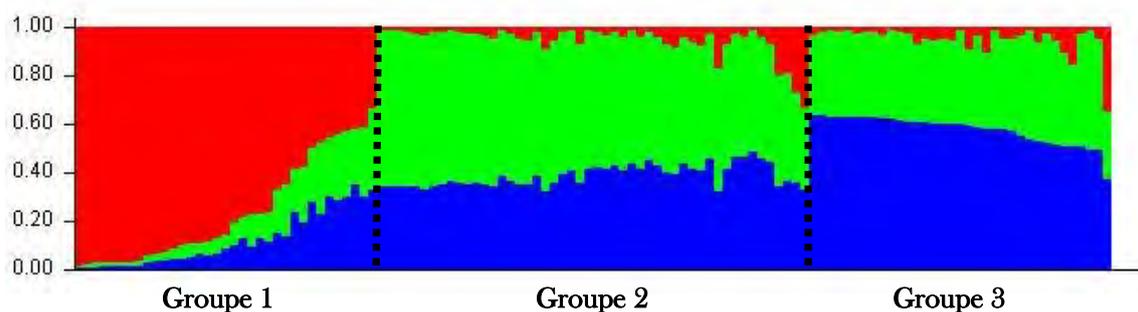


Figure 46 : Assignment des individus aux différents groupes génétiques, inférée de l'indice d'assignation (Q). Les pointillées délimitent les clusters génétiques.

Tableau XLI : Pourcentages (%) d'individus correctement assignés aux clusters génétiques. Les pourcentages d'assignation qui ne sont pas suivies des mêmes lettres dans la même colonne diffèrent significativement ($p < 0,001$).

Populations de référence	Clusters génétiques			Nombre d'individus
	Groupe 1	Groupe 2	Groupe 3	
Djakoré	6,2 ^a	51,3 ^a	42,5 ^a	30
Zébu Gobra	7,9 ^a	43,1 ^b	49 ^b	30
Zébu Maure	12,3 ^b	44,1 ^{bc}	43 ^c	30
N'Dama	76,8 ^c	11,3 ^d	11,9 ^d	30

La figure 47 présente la structure génotypique des différentes populations selon leur origine géographique, définie à partir des trois génotypes multiloci. Les populations Djakoré, zébu Gobra et zébu Maure des régions de Kaolack (Sud du Bassin Arachidier) et de Saint-Louis (Vallée du Fleuve Sénégal) ont un pool génétique hétérogène relativement différent de celui de la population N'Dama de Kolda, qui est plus homogène.

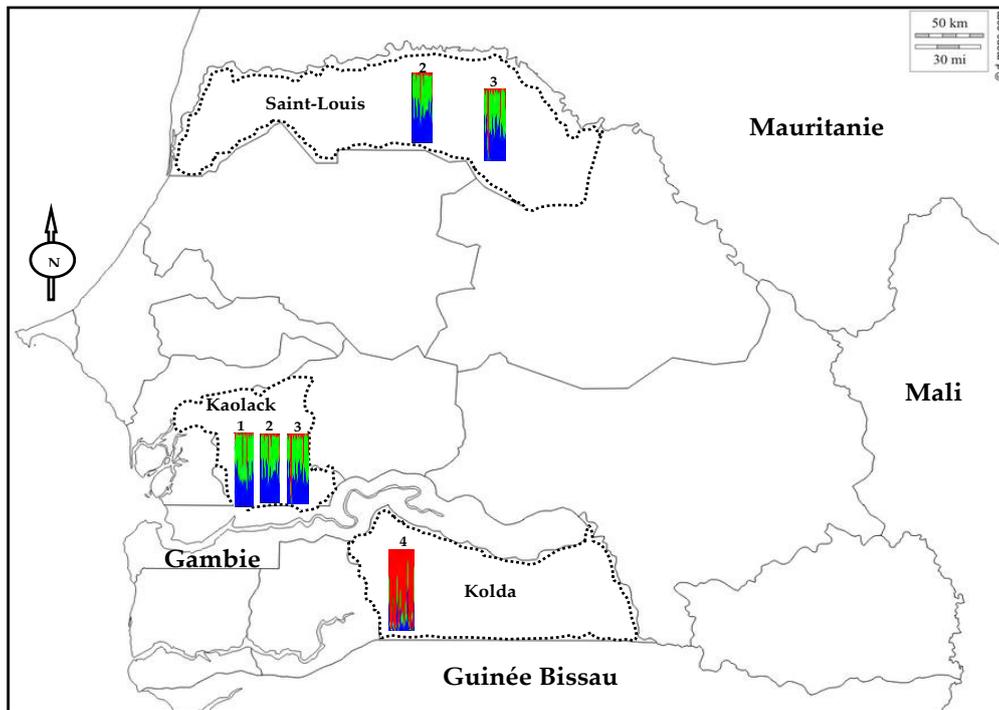


Figure 47: Structure génotypique des populations. Djakoré (1), zébu Gobra (2), zébu Maure (3) et N'Dama (4).

La figure 48 met en évidence la proximité génétique qui existe entre les individus des quatre populations en fonction des clusters génétiques. Au vu de la dispersion des individus dans l'espace triangulaire, deux nuages génétiques sont distingués. L'un des nuages le plus homogène correspond aux individus de la population N'Dama, alors que le second qui paraît très hétérogène regroupe les individus des populations Djakoré, zébu Gobra et zébu Maure. Entre ces deux nuages génétiques se trouvent les introgressions génétiques des populations de zébus (Gobra et Maure) vers la population N'Dama.

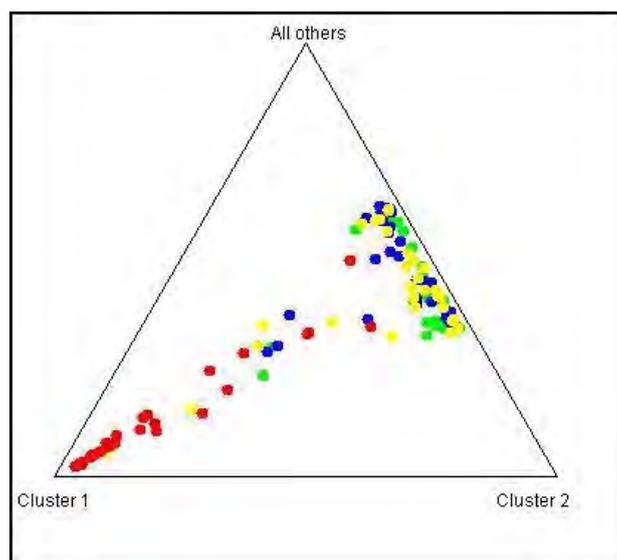


Figure 48 : Diagramme en triangle représentant les relations entre individus des différentes populations en fonction des clusters génétiques. Les cercles colorés en rouge (individus N'Dama), en vert (individus Djakoré), en bleu (individus zébu Gobra) et en jaune (individus zébu Maure).

III.2.5.6. Simulation de l'équilibre, de la différenciation et de la structure génétique des populations après affectation des migrants à leur population source.

Après avoir trouvé que 42,37% des individus de notre population d'étude n'étaient pas réellement originaires de la population où ils ont été échantillonnés (population de référence) par l'analyse de détection des migrants de première génération, nous les avons affectés à leur population origine, c'est-à-dire la population où leur génotype a été assigné. Nous avons ensuite reconstitué le jeu de données afin de simuler l'équilibre, la différenciation et la structure génétique de ces populations selon les génotypes multiloci des individus. Le tableau XLII présente les valeurs du coefficient de consanguinité (F_{IS}) et celles du χ^2 du test d'équilibre de Hardy-Weinberg. Seules, les populations Djakoré et N'Dama ont présenté un déficit d'hétérozygotie (F_{IS}) significatif ($p < 0,05$). Le test d'équilibre de Hardy-Weinberg révèle que les populations zébu Gobra et N'Dama n'ont pas dévié ($p > 0,05$). En revanche, les populations Djakoré et zébu Maure ont dévié significativement de l'équilibre de Hardy-Weinberg avec des valeurs de χ^2 de 50,2086 ($p < 0,001$) et de 37,5718 ($p < 0,05$), respectivement.

Après l'affectation des migrants à leur population origine, les valeurs du F_{ST} et du θ_{RH} révèlent une différenciation génétique modérée et significative entre toutes paires les populations ($p < 0,05$) (Tableau XLIII).

Tableau XLII : Estimation du coefficient de consanguinité (F_{IS}) et test d'équilibre de Hardy-Weinberg après affectation des migrants. NS = non significatif; *: $p < 0,05$ = significatif; *** $p < 0,001$ = hautement significatif. Les valeurs en gras correspondent aux tests significatifs.

Populations	F_{IS} (WC)	χ^2 EHW
Djakoré	0,072	50,2086***
Zébu Gobra	0,031	29,8703 ^{NS}
Zébu Maure	0,028	37,5718*
N'Dama	0,115	28,2435 ^{NS}
Ensemble	0,056	145,8942***

Tableau XLIII : Différenciation génétique entre populations après affectation des migrants. Les valeurs du F_{ST} (Weir et Cockerham, 1984) sont au-dessus de la diagonale et celles de θ_{RH} de Robertson et Hill (1984). Les valeurs en gras correspondent aux tests significatifs.

Populations	Djakoré	Zébu Gobra	Zébu Maure	N'Dama
Djakoré	—	0,025	0,043	0,137
Zébu Gobra	0,015	—	0,027	0,102
Zébu Maure	0,022	0,015	—	0,123
N'Dama	0,060	0,048	0,062	—

Le tableau XLIV présente les distances génétiques et flux géniques entre paires de populations après affectation des migrants. La distance génétique devient plus faible entre les populations Djakoré et zébu Gobra (0,086); cependant, elle reste très élevée entre les populations Djakoré et N'Dama (0,557). Le flux génique est devenu plus important entre les populations Djakoré et zébu Gobra (9,50) et il l'est moins entre les populations Djakoré et N'Dama (1,57).

Tableau XLIV : Distance génétique et flux génique entre populations après affectation des migrants. Les valeurs de la distance génétique standard non biaisée (D_s) de Nei (1978) sont au-dessus de la diagonale et celles du flux génique (N_m) de Wright (1969) en dessous.

Populations	Djakoré	Zébu Gobra	Zébu Maure	N'Dama
Djakoré	—	0,086	0,154	0,557
Zébu Gobra	9,50	—	0,110	0,427
Zébu Maure	5,44	8,85	—	0,529
N'Dama	1,57	2,19	1,77	—

La première composante de l'ACP avec 75,92% de la variabilité génétique totale confirme clairement la séparation entre N'Dama et les autres populations après affectation des migrants à leur population origine (Figure 49). Cependant, après que les migrants soient affectés, la deuxième composante avec 16,76% de la variabilité génétique, montre que la population Djakoré est génétiquement plus proche du zébu Gobra que du zébu Maure.

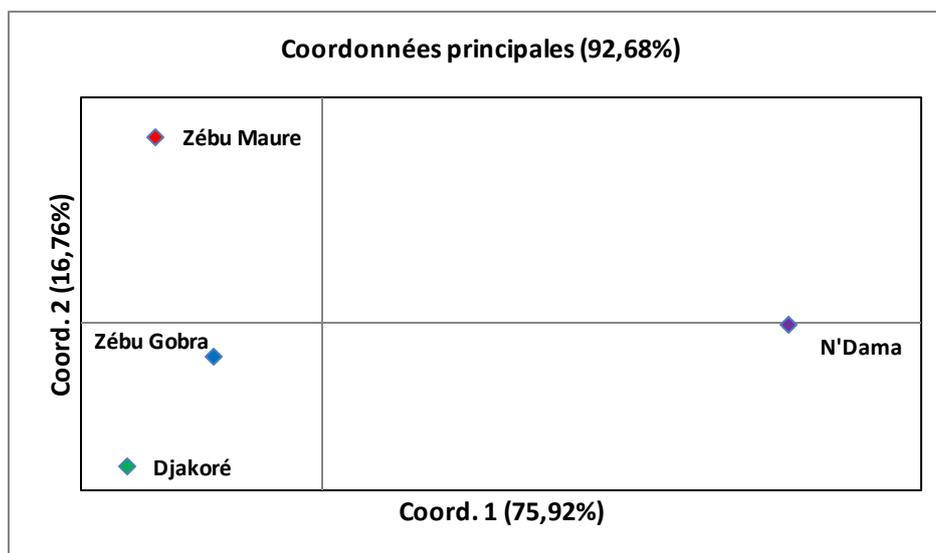


Figure 49 : Diagramme de l'Analyse en Composantes Principales (ACP), inférée de la matrice de Covariance de la distance génétique non biaisée (D_s) de Nei (1978) et obtenu après affectation des migrants à leur population source.

L'AFC des populations (Figure 50) décrit au même titre que le graphe de l'ACP, les mêmes relations génétiques entre populations après affectation des migrants à leur population origine (Figure 49).

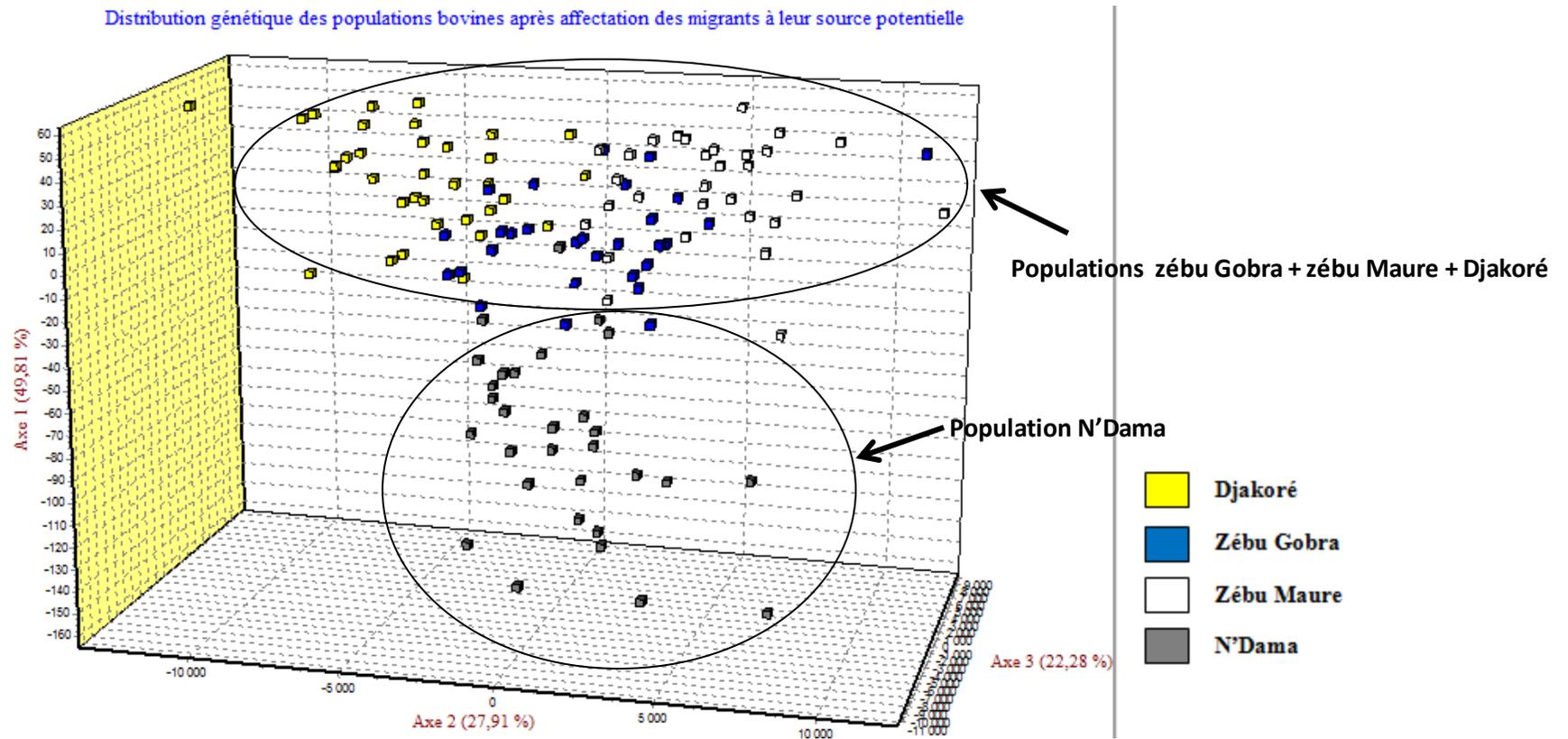


Figure 50 : Répartition de la variabilité génétique selon les 3 premiers axes de l'AFC montrant les relations entre populations après affectation des migrants à leur population source.

III.2.5.7. Test d'association entre les marqueurs génétiques (ETH225, MM12) et l'efficacité de la reproduction par analyse de variance (ANOVA)

Le nombre d'individus par population et les allèles observés (courts et longs), groupés en classes génotypiques selon les deux systèmes de locus sont présentés dans le tableau XLV. En considérant les deux loci, l'analyse de variance ne montre aucune différence de l'intervalle vêlage-vêlage entre les vaches des différentes classes génotypiques ($p > 0,05$). En effet, cette absence d'association pouvait être attendue vu que les loci ETH225 et MM12 ne sont pas en déséquilibre de liaison du fait que la distance qui sépare le gène du récepteur d'œstrogènes (ESR1) et ces deux loci, est grande.

Tableau XLV : Résultats de l'analyse d'association entre l'intervalle vêlage-vêlage et les classes de génotypes homozygotes courts (H, Court), homozygotes longs (H, Long) et hétérozygotes, inférés des loci ETH225 et MM12. N (nombre de vaches par population) ; n (nombre de vaches par classe génotypique) ; H= Homozygotes ; le seuil de significativité est fixé à 5%.

Locus ETH225 (7 allèles)										
Intervalle vêlage-vêlage (moyenne ± SD) en jours										
Populations	N	Allèles courts	Allèles longs	n	H, Courts	n	H, Longs	n	Hétérozygotes	P-value
Djakoré	11	158-164	166-174	01	720	05	504 ± 150,6	05	588 ± 209,6	0,53
Zébu Gobra	05	158-174	166-174	—	—	02	720 ± 0	03	480 ± 207,8	0,21
Zébu Maure	09	158-164	166-174	—	—	03	600 ± 207,8	06	570 ± 176,9	0,54
N'Dama	04	158-164	166-174	02	720 ± 509,1	—	—	02	1080 ± 0	0,42
Locus MM12 (13 allèles)										
Intervalle vêlage-vêlage (moyenne ± SD) en jours										
Populations	N	Allèles courts	Allèles longs	n	H, Courts	n	H, Longs	n	Hétérozygotes	P-value
Djakoré	11	119-139	141-157	03	600 ± 207,8	—	—	08	574,5 ± 176,9	0,68
Zébu Gobra	05	125-139	141-157	—	—	—	—	05	576 ± 197,2	—
Zébu Maure	10	119-139	141-157	—	—	—	—	10	558 ± 178,9	—
N'Dama	03	133-139	141-157	—	—	—	—	03	840 ± 415,7	—

III.3. Discussion

III.3.1. Variabilité génétique des populations

Depuis que la biotechnologie de l'insémination artificielle et les changements de systèmes de production se sont intensifiés dans les différentes zones d'élevage du Sénégal au cours de ces deux dernières décennies, peu d'études (MacHugh *et al.*, 1997 ; Freeman *et al.*, 2004) ont fourni des données fondamentales sur la variabilité génétique intra-population ainsi que la structure génétique des races bovines locales dont Djakoré qui n'a pas encore été caractérisé génétiquement.

Dans cette étude, la plupart des loci utilisés ont été analysés dans de nombreux travaux antérieurs avec différentes races bovines d'Europe, du Proche-Orient, les zébus et taurins africains et les zébus Asiatiques (MacHugh *et al.*, 1997 ; Freeman *et al.*, 2004 ; Cymbron *et al.*, 2005 ; Dayo *et al.*, 2009). Le polymorphisme des loci microsatellites a révélé que le nombre moyen d'allèles observés par locus ($N_a = 10,45$) est comparable à celui obtenu chez les races bovines camerounaises ($N_a = 10,69$), togolaises et béninoises ($N_a = 10$) (Moazami-Goudarzi *et al.*, 2001 ; Ngono Ema *et al.*, 2014). Les valeurs du PIC qui traduisent la capacité informative d'un marqueur sont très élevées. Ainsi, la valeur moyenne du PIC (0,76) de cette étude est légèrement plus élevée que celle (0,75) rapportée chez les races bovines camerounaises avec 13 loci microsatellites (Ngono Ema *et al.*, 2014). Les loci microsatellites qui montrent des valeurs du PIC supérieures à 0,5 sont considérés comme appropriés pour les analyses de diversité génétique des populations. Les valeurs moyennes élevées de la richesse allélique et de l'hétérozygotie montrent que ces loci sont moins soumis à la pression de sélection et par conséquent procurent des informations fiables sur la diversité et la structure génétique des populations. D'ailleurs, la FAO a spécifié au moins 4 allèles distincts par loci pour l'estimation exacte des distances génétiques entre races (Singh *et al.*, 2015) afin de réduire les erreurs standards des distances mesurées (Shi *et al.*, 2010). Les quatre populations locales et plus particulièrement les zébus (Gobra et Maure) montrent un niveau de variabilité génétique considérable, exprimé par la richesse allélique (R_s), l'hétérozygotie attendue (H_E) et la diversité génique (H_s). La richesse allélique moyenne (R_s) varie de 5,1 chez la population N'Dama à 6,1 chez la population zébu Gobra. Ce niveau de richesse allélique est comparable à celui des travaux de MacHugh *et al.* (1997), lesquels montrent une valeur de R_s de 4,5 chez N'Dama, 4,8 chez zébu Gobra et 5,3 chez zébu Maure. Ces résultats sont également similaires à ceux rapportés par Freeman *et al.* (2004) où les races de zébus et les populations "hybrides" élevées à proximité des zones subhumides colonisées par les glossines (dont zébu Maure, zébu Gobra,

Kuri, Peul Fulani et Borgou) montrent une diversité génétique plus grande que la plupart des races trypanotolérantes. D'ailleurs, le niveau de richesse allélique trouvé chez la race Borgou ("hybride", zébu x taurin) parmi les races bovines d'Afrique de l'Ouest et du Centre (Foulley et Ollivier, 2006) est comparable à celui trouvé chez Djakoré. Les populations "hybrides" ont tendance à présenter une richesse allélique élevée. Ceci suggère qu'une grande richesse allélique peut refléter « l'hétérogénéité » d'une race. Etant donné que Djakoré est considérée jusque-là comme une population "hybride" de par ses caractères phénotypiques et de sa distribution géographique (Broutin *et al.*, 2000); les facteurs d'hybridation génétique ont favorisé la stabilité de cette population dans le Sud du Bassin Arachidier. Les caractères que Djakoré a hérités de ses deux parents ont permis à ce dernier de s'adapter, de survivre et de se reproduire dans son environnement local. D'un point de vue plus large, l'isolement reproductif entre les espèces "hybrides" homploïdes et leurs parents est généralement atteint par les réarrangements chromosomiques, la divergence écologique et/ou l'isolement spatial à partir des espèces parentales. Ces facteurs empêchent que les espèces "hybrides" naissantes ne deviennent génétiquement submergées à travers la reproduction avec les espèces parentales, leur permettent ainsi d'évoluer en une lignée indépendante (Gross et Rieseberg, 2005). Suivant ce contexte, la divergence écologique peut être comparée à un système d'élevage particulier où la population Djakoré évolue. En réalité, les races de zébus africains ont été longtemps influencées par l'histoire des croisements génétiques zébu-taurin et le niveau élevé de la diversité allélique observé est sans doute un artéfact d'admixture génétique et l'apport conséquent d'allèles de zébu et de taurin (MacHugh *et al.*, 1997). Foulley et Ollivier (2006) ont confirmé ce modèle d'évolution dans le cas où un bon nombre de généticiens ont souligné l'importance du nombre d'allèles dans une perspective d'amélioration génétique à long terme vu qu'il existe un lien entre la richesse allélique et l'histoire évolutive des populations. La diversité allélique est donc considérée comme un indicateur de la variabilité génétique intra-population (Singh *et al.*, 2015).

Les populations locales ont montré une proportion assez élevée d'allèles privés de 54% en moyenne. Ceci montre que la variabilité génétique que génère chaque population est due à l'état de certains allèles qui leur sont spécifiques. L'exemple typique est le cas de la population Djakoré qui présente le plus grand nombre moyen d'allèles privés (0,72), expliquant certainement sa stabilité. Des résultats similaires ont été obtenus chez le Borgou qui détient le plus grand nombre d'allèles privés parmi les races de zébu et de taurin d'Afrique de l'Ouest et du Centre (Foulley et Ollivier, 2006). Parmi les 24 allèles privés trouvés chez les quatre populations, seuls 3 ont une fréquence supérieure à 5%; c'est le cas de l'allèle INRA063-206 pb avec une fréquence de 5,3% chez zébu Gobra, INRA037-134 pb et TGLA53-174 pb avec

une fréquence respective de 11,5% et 6,3% chez la population N'Dama. Par contre dans les travaux de Moazami-Goudarzi *et al.* (2001), tous les allèles privés détectés ont montré une fréquence inférieure à 5%. L'index Informatif de Shannon (I) est un paramètre de diversité à large spectre dans les populations naturelles ; plus ses valeurs sont proches de zéro et plus la variabilité génétique est faible dans la population (Silva Filho *et al.*, 2012). Comparativement à la valeur moyenne de l'index de Shannon obtenue chez d'autres races bovines ($1,45 \pm 0,30$) (Silva Filho *et al.*, 2012), celle trouvée dans cette étude montre que les populations locales ont une variabilité génétique considérable qui pourrait être un facteur très important pour la sélection des races à améliorer.

L'hétérozygotie moyenne attendue (H_E) par population a varié de 0,73 chez N'Dama à 0,79 chez zébu Gobra. Ces résultats traduisent un niveau élevé d'hétérozygotie chez les 4 populations locales. Le niveau d'hétérozygotie est similaire à celui trouvé chez les races de zébu et de taurin du Togo, Benin, Mozambique et Cameroun (Moazami-Goudarzi *et al.*, 2001 ; Bessa *et al.*, 2009 ; Ngonu Ema *et al.*, 2014). Comme attendu, les loci microsatellites montrent un niveau très considérable de diversité génique (H_s) qui varie entre 0,73 chez N'Dama et 0,80 chez zébu Gobra. Les valeurs élevées de la diversité allélique, de l'hétérozygotie et de la diversité génique montrent une importante variabilité génétique chez les populations bovines locales du Sénégal. Ceci prouve l'absence de sélection dans l'organisation des programmes d'insémination artificielle au Sénégal.

D'une manière générale, le niveau de diversité génétique est similaire chez toutes les populations analysées, suggérant ainsi l'absence de différences appréciables de la variabilité génétique. Cependant, le niveau de variabilité génétique que présente la population N'Dama est plus faible comparé aux autres populations. Ceci pourrait être assimilé à la distribution géographique et la taille de cette population. D'ailleurs, les investigations menées dans cette étude ont révélé qu'aucun des troupeaux des populations zébu Gobra, zébu Maure ou Djakoré ne transhument en direction de la Haute Casamance. Néanmoins, les 44% des troupeaux de N'Dama transhumant ne dépassent pas un rayon de 30 km de la région de Kolda. Ce faible niveau de variabilité génétique s'observe souvent chez les populations ouest africaines et plus spécifiquement chez la race Lagunaire du Benin géographiquement isolée des autres (Freeman *et al.*, 2004 ; Dayo *et al.*, 2009). Les travaux de Suh *et al.* (2014) révèlent que les différences du niveau de variabilité génétique trouvées entre races bovines sont attribuées à la taille des populations et leur distribution géographique. Le niveau important de variabilité génétique que montrent les populations bovines locales actuelles et plus particulièrement Djakoré est

certainement dû à l'hybridation. D'après Freeman *et al.* (2004), l'hybridation entre zébus et taurins africains augmente la diversité par la combinaison d'allèles de deux lignées distinctes.

Un déficit d'hétérozygotie (F_{IS}) significatif ($p < 0,05$) a été trouvé chez les populations zébu Gobra, zébu Maure et N'Dama ; et toutes les populations ont dévié significativement de l'équilibre de Hardy-Weinberg. Cela met en exergue la probabilité d'une reproduction consanguine chez ces populations locales et par conséquent, un déficit d'hétérozygotie considérable ou l'occurrence d'une sous-structuration de la population totale. En effet, une variance considérable du déficit d'hétérozygotie (F_{IS}) entre populations peut être due à une sous-structuration de la population globale liée à une forte différence des fréquences des allèles nuls à travers les loci pour des niveaux de différenciation génétique élevés (De Meeûs, 2012). L'hypothèse de l'influence des allèles nuls sur le déficit d'hétérozygotie observé dans ces populations peut être écartée, car les loci qui ont présenté des signes d'allèles nuls chez les populations de zébus (Gobra et Maure) sont différents de ceux qui ont montré un déficit d'hétérozygotes. Cependant, ces résultats diffèrent de ceux de MacHugh *et al.* (1997) où parmi les races locales du Sénégal, seul zébu Maure avait dévié très significativement ($p < 0,01$) de l'équilibre de Hardy-Weinberg. Conjointement, Nei (1987) assimile le déficit d'hétérozygotie dans une population à la consanguinité ou la sous-structuration de la population totale (effet Wahlund). Ici, le déséquilibre de Hardy-Weinberg pourrait être attribué à la subdivision de la population totale étant donné que chaque population a été échantillonnée dans différentes localités non loin distantes de la même région agro-écologique où la panmixie est improbable. Ce déséquilibre de Hardy-Weinberg dû à la subdivision de la population est souvent observé chez des populations échantillonnées dans distinctes localités de la même zone géographique (Dorji *et al.*, 2003).

Après affectation des migrants à leur population origine, les résultats de la simulation ont confirmé le déficit d'hétérozygotie globale et la déviation de l'équilibre de Hardy-Weinberg de la population totale. Autrement dit, l'évolution biologique de ces populations ne suit pas les lois de Hardy-Weinberg. Par conséquent, la cause biologique la plus probable est la consanguinité qui, à terme, a entraîné un déficit d'hétérozygotie qui s'est traduit par une structuration des populations.

III.3.2. Différenciation génétique des populations

Un déficit d'hétérozygotie global (F_{IT}) significatif de 11,7% a été observé dans la population totale ; ce déficit est comparable au 13,3% et 14,6% obtenus respectivement chez les races de zébu et de taurin camerounaises et mozambicaines (Bessa *et al.*, 2009 ; Ngonu Ema

et al., 2014). Quant au F_{ST} , il mesure selon Hartl et Clark (1997), le déficit d'hétérozygotes relative à celui attendu sous l'équilibre de Hardy-Weinberg. D'après Balloux et Lugon-Moulin (2002), il été suggéré que des valeurs de F_{ST} comprises entre 0 et 0,05 indiquent une faible différenciation génétique ; entre 0,05 et 0,15, une différenciation modérée ; entre 0,15 et 0,25, une forte différenciation génétique ; et au-delà de 0,25, une très forte différenciation génétique. Dans cette étude, le F_{ST} moyen (0,047) montre une différenciation génétique modérée entre les populations étudiées. Une valeur de F_{ST} proche de 0,05 est généralement considérée comme faible et les investigateurs l'interprètent en une structuration génétique faible des populations. Bien qu'une telle interprétation puisse s'avérer exacte, la différenciation génétique réelle d'une population peut également ne pas être représentée. En effet, il est rappelé que le F_{ST} attendu sous une différenciation complète, ne sera pas toujours égale à 1, parce que l'effet du polymorphisme (due aux mutations) diminue drastiquement les valeurs attendues du F_{ST} . Ainsi, une valeur du F_{ST} apparemment faible de 0,05 peut indiquer une différenciation génétique très importante (Balloux et Lugon-Moulin, 2002). Ce point très important était déjà souligné par Wright (1978), qui rapporte que la différenciation est non négligeable si le F_{ST} est $< 0,05$. Suivant ce contexte, nos populations analysées sont modérément différenciées ou moyennement structurées. Cette différenciation génétique modérée entre populations locales implique une grande variabilité entre individus qui peut être attribuée à l'origine (Boujenane et Ouragh, 2010) et à la distribution géographique des différentes populations (Chaudhari *et al.*, 2009). Le niveau de différenciation génétique observé chez les populations locales est dans l'intervalle des valeurs de F_{ST} rapportées dans la littérature chez les bovins. Comparativement à nos résultats, une valeur de F_{ST} de 4,2% a été obtenue chez les races bovines mozambicaines (Bessa *et al.*, 2009), de 6,1% chez les races camerounaises (Ngono Ema *et al.*, 2014), de 11,2% chez sept races bovines européennes (MacHugh *et al.*, 1998) et de 11,7% chez cinq races bovines asiatiques (Shi *et al.*, 2010). Selon Chaudhari *et al.* (2009), un niveau élevé d'hétérozygotie (H_E), un déficit d'hétérozygotie (F_{IS}) > 0 et des valeurs positives du F_{IT} , du F_{ST} et du G_{ST} confirment bien une déviation significative de la population totale de l'équilibre de Hardy-Weinberg.

L'estimation des valeurs du F_{ST} par paire de populations montre que N'Dama est génétiquement différenciée des populations de zébus et plus particulièrement du Djakoré. En général dans la littérature, des valeurs de F_{ST} entre paire de populations de l'ordre de 0,09 attestent que les populations concernées sont de deux sous-espèces différentes (Dorji *et al.*, 2003). Cependant, la différenciation génétique trouvée entre les populations de zébus est très faible ; suggérant qu'au niveau moléculaire zébu Gobra et zébu Maure pourraient devenir une

seule race. En général, les races de zébus ouest africaines sont caractérisées par de faibles valeurs de F_{ST} et un niveau élevé de diversité génétique relatifs à une large taille effective de la population et un taux de migration élevé dans un système d'élevage transhumant habituel (Freeman *et al.*, 2004 ; Dayo *et al.*, 2009). Il est aussi noté que la plus forte différenciation génétique significative est obtenue entre Djakoré et N'Dama. La très faible différenciation génétique entre Djakoré et zébu Gobra d'une part et l'existence d'une faible différenciation génétique cependant significative entre Djakoré et zébu Maure d'autre part, permettent d'en déduire que zébu Gobra est l'une des populations parentales du Djakoré. Dans les travaux de Dorji *et al.* (2003), des valeurs de F_{ST} de l'ordre de 0,01 caractérisent génétiquement les populations d'une même sous-espèce en deux races différentes. Même si Djakoré est génétiquement plus proche du zébu Gobra, nos analyses le séparent clairement des populations de zébus (Gobra et Maure).

Au-delà du F_{ST} , l'estimation des distances génétiques traduit dans l'ensemble les mêmes relations génétiques décrites par l'analyse phylogénétique. Les valeurs des distances génétiques entre les populations locales sont comparables à celles obtenues entre races de zébus et de taurins d'Afrique de l'Ouest et du Centre (Freeman *et al.*, 2004), entre races bovines mozambicaines et celles camerounaises (Bessa *et al.*, 2009 ; Ngono Ema *et al.*, 2014). Selon les valeurs du F_{ST} et de la distance génétique qui distinguent Djakoré et N'Dama, à ce stade nous ne pouvons pas confirmer que la seconde population parentale du Djakoré serait N'Dama.

Dans cette étude, nous avons trouvé une valeur très élevée du flux génique moyen (5,06) et qui est supérieur au 3,81 obtenu chez les races bovines camerounaises (Ngono Ema *et al.*, 2014). Les valeurs du flux génique (Nm) entre paires de populations ont révélé d'importants échanges alléliques entre les populations Djakoré, zébu Gobra et zébu Maure. Ce qui confirmerait qu'au sein de ces trois populations, la reproduction est aléatoire et s'effectue sans aucun contrôle lors des déplacements saisonniers (transhumance). Et d'après les investigations menées dans cette étude, l'aire de transhumance de ces différentes populations se limite pour la plupart du temps dans une même zone agro-écologique, ce qui favorise l'improbabilité à une panmixie locale. Pour confirmer cette hypothèse, la valeur élevée du flux génique moyen (5,06) est combinée à une valeur modérée du F_{ST} moyen (0,047), ce indique un fort taux de migration (Bossart et Prowell, 1998). Malgré le niveau élevé du flux génétique actuel, au Sénégal, les populations locales étudiées ne sont pas sous la menace d'une érosion génétique (perte d'allèles spécifiques). Néanmoins, des mesures strictes devraient être prises quant à la gestion intégrée de ces populations et plus particulièrement des zébus Maure car la disparition d'une race commence par la perte de ses allèles privés.

III.3.3. Relations phylogénétiques entre populations

L'analyse des relations phylogénétiques a montré deux clades génétiquement séparés. Cette séparation très marquée entre N'Dama et les autres populations confirme l'histoire évolutive de ces races locales qui est par conséquent relative à la divergence entre *Bos taurus* et *Bos indicus* (environ 200 000 voire 1 000 000 d'années) (Manwell et Baker, 1980 ; Loftus *et al.*, 1994 ; Bradley *et al.*, 1996; MacHugh *et al.*, 1997). De manière plus précise avec l'utilisation des microsatellites chez 12 races qui n'ont pas été exposées aux phénomènes d'admixture génétique, MacHugh *et al.* (1997) ont démontré la séparation sans équivoque des zébus asiatiques et des races taurines européennes et africaines (dont les races N'Dama de la Guinée et de la Guinée Bissau), laquelle est supportée par une probabilité de bootstrap de 97%. Cette forte divergence entre zébus et taurins est caractérisée par les allèles diagnostics de zébu (MacHugh *et al.*, 1997) qui sont présents avec une fréquence élevée dans les populations de zébus mais absents ou à faible fréquence dans les populations taurines (Liron *et al.*, 2006). Ces allèles montrent une distribution disproportionnée entre races de zébu et de taurin (MacHugh *et al.*, 1997). Bien que le nombre de marqueurs microsatellites utilisés paraît assez moyen, les relations phylogénétiques décrites chez les populations locales sont très semblables à celles rapportées dans la littérature (MacHugh *et al.*, 1997 ; Moazami-Goudarzi *et al.*, 2001 ; Dorji *et al.*, 2003 ; Freeman *et al.*, 2004 ; Liron *et al.*, 2006 ; Bessa *et al.*, 2009).

Les dendrogrammes construits avec les distances génétiques D_A et D_C montrent que la population Djakoré est génétiquement plus proche du zébu Gobra que de N'Dama. Ceci prouve que Djakoré partage plus d'allèles identiques avec zébu Gobra qu'avec N'Dama. Au niveau phénotypique, les mêmes relations entre Djakoré et zébu Gobra ont été décrites. Ces relations pourraient être les conséquences du gradient d'introgession de zébu, lequel laisse apercevoir que le pool génétique Djakoré est largement constitué par le génome de zébus.

III.3.4. Structure génétique des populations

Chez les populations étudiées, l'analyse de la structure génétique a été inférée selon cinq approches que sont : l'analyse de goulot d'étranglement démographique, les analyses multivariées, l'analyse de variance moléculaire, les tests d'assignation génétique des individus et l'approche bayésienne.

L'analyse de goulot d'étranglement démographique récent sous les trois modèles d'évolution des microsatellites selon le test de Wilcoxon, révèle un excès d'hétérozygotie significatif avec l'hypothèse IAM dans toutes les populations ; tandis que sous les modèles TPM et SMM, toutes les populations sont en équilibre mutation-dérive. Pour n'importe quel

jeu de données, à l'équilibre, le modèle IAM prédit une faible diversité génétique par rapport au modèle SMM, et donc, il devient commode d'indiquer un excès d'hétérozygotie significatif (Thiruvankaden *et al.*, 2014). Ainsi, les populations ont dévié fortement de l'équilibre de diversité génétique sous le modèle IAM. Sous le modèle SMM, qui est statistiquement plus conservatif, aucune déviation n'est notée, indiquant ainsi une absence de chute allélique drastique susceptible au goulot d'étranglement. Cependant, les déviations à l'équilibre mutation-dérive observées dans plusieurs populations sont principalement associées à un déficit d'hétérozygotie (Mahmoudi *et al.*, 2012). Le déficit d'hétérozygotie observé chez les populations locales est le résultat d'une consanguinité à l'échelle de leurs environnements de reproduction. Nous en déduisons alors que ces populations n'ont pas connu une forte réduction de leur effectif génétique, qui aurait un impact non seulement sur le nombre d'allèles mais aussi sur la diversité génétique. Autrement dit, il n'y a pas eu récemment une catastrophe naturelle (sécheresse, épidémie, inondation etc.) qui aurait décimé le cheptel bovin local. Par ailleurs, les résultats obtenus avec le test mode-shift confirment ceux du test de Wilcoxon, lequel montre que la répartition des fréquences alléliques des différentes populations suit la distribution normale en forme de "L". Par conséquent, les résultats obtenus ici, montrent que l'hypothèse nulle à l'équilibre mutation-dérive est acceptée dans toutes les populations. Nos résultats sont similaires à ceux de Silva Filho *et al.* (2014), qui ont montré l'absence de goulot démographique récent chez quatre races à viande du Brésil. Une exception à ces affirmations est trouvée dans quelques tests statistiques, lorsque ces derniers sont analysés en utilisant le modèle IAM, lequel a été considéré comme inapproprié pour des études basées sur les marqueurs microsatellites (Clark, 1998). Par contre, le SMM est plus fiable pour l'analyse de la balance mutation-sélection en utilisant ces marqueurs moléculaires (Ohta et Kimura, 1973).

Toutes les approches utilisées pour inférer la structure génétique des populations locales du Sénégal ont conduit aux mêmes résultats. Les résultats de l'assignation génétique déduits des loci microsatellites révèlent que 50% des individus de la population totale sont correctement assignés. Cependant, avec l'analyse factorielle discriminante à partir des attributs phénotypiques, un pourcentage plus élevé de 97,28% des individus correctement classés est obtenu. Cela met en évidence, d'une part le caractère plus précis des loci microsatellites dans la discrimination des individus (Moazami-Goudarzi et Laloe, 2002) ; et d'autre part, la pertinence de l'approche moléculaire par rapport à celle phénotypique. En outre, l'assignation génétique des individus confirme la classification phénotypique des races locales.

Les résultats de l'approche bayésienne montrent que les populations locales étudiées forment 3 groupes génétiques définis à partir de l'indice d'assignation (Q). Le groupe génétique

1, où 76,8% des individus de la population N'Dama y sont correctement assignés, est principalement représenté par le génotype multiloci N'Dama. Au niveau génétique, N'Dama constitue donc, une "race génétique". Comme la race N'Dama est affectée par l'introgression génétique de zébus (Gobra et Maure) avec des pourcentages de 7,9% et 12,3%, respectivement, elle n'est donc pas une race taurine "pure". D'ailleurs, MacHugh *et al.* (1997) ont rapporté que 5,1% d'allèles spécifiques de zébu et 12,4% de proportion d'admixture génétique ont été trouvés chez la race N'Dama du Sénégal. Cette tendance est confirmée par les travaux d'Hanotte *et al.* (2000), lesquels montrent des proportions de 96% et de 4% de l'allèle spécifique Y du zébu et du taurin, respectivement chez la race N'Dama du Sénégal. Parmi les populations taurines d'Afrique de l'Ouest, il a été rapporté que seule la N'Dama de la Guinée est considérée comme une race taurine "pure" avec 0% de proportion d'admixture génétique (MacHugh *et al.*, 1997) et 0% de l'allèle Y spécifique du zébu (Hanotte *et al.*, 2000). Ce flux d'introgression du génome de zébu déclinant d'est en ouest et suivant le gradient nord - sud en Afrique de l'Ouest (MacHugh *et al.*, 1997 ; Hanotte *et al.*, 2000), est le résultat de la structure génotypique actuelle observée chez la plupart des populations taurines et plus particulièrement la race N'Dama du Sénégal.

Au niveau du groupe génétique 2, c'est le génotype multiloci Djakoré qui est majoritaire. Cependant, 43,1%, 44,1%, et 11,3% des individus respectivement des populations zébu Gobra, zébu Maure et N'Dama se trouvent être assignés dans ce cluster. Comme les proportions des génotypes multiloci zébu et N'Dama sont inégalement réparties dans le groupe génétique 2, il advient donc que Djakoré est une population "hybride". Ce qui confirme la théorie de Broutin *et al.* (2000), selon laquelle : Djakoré est considérée comme une population "hybride" de par ses caractères phénotypiques et de sa distribution géographique. Le statut du Djakoré sur le plan génétique réfute la classification phénotypique qui le considère comme une race. En accord avec ces résultats, nous en déduisons que Djakoré est génétiquement une population "hybride" stabilisée et non une "race génétique". La structure génotypique du Djakoré confirme que la race N'Dama est la seconde population parentale. L'évolution du Djakoré pourrait certainement lier à son développement dans la partie centrale du Sénégal suite à une épizootie de peste bovine qui avait décimé le cheptel d'alors (Touré, 1977). Le génotype N'Dama est presque disparue du pool génétique de la population "hybride" Djakoré alors que le génotype zébu reste encore prédominant. Pour ces raisons, nous avons trouvé des valeurs très élevées du F_{ST} et des distances génétiques entre N'Dama et "l'hybride" Djakoré. En conséquence, Djakoré est génétiquement plus proche des zébus et particulièrement du zébu Gobra. Des relations similaires ont été observées au niveau phénotypique.

Dans le groupe génétique 3, le génotype multiloci zébu est prédominant avec 49% et 43% des individus correctement assignés des populations zébu Gobra et zébu Maure, respectivement. Comme les deux populations de zébus partagent le même génotype, nous en déduisons que ces deux populations pourraient devenir une seule race au niveau moléculaire ; expliquant certainement les très faibles valeurs de F_{ST} et de distances génétiques obtenues entre ces deux populations. Ces résultats contredisent ainsi la classification phénotypique qui les considérerait en deux races distinctes. Cependant, 42,5% des individus Djakoré se trouvent être assignés dans le groupe génétique 3. Ceci prouve l'hétérogénéité du pool génétique des zébus et par conséquent, ils ne peuvent être considérés comme de "purs" zébus africains. Au Sénégal, au niveau moléculaire, les populations bovines locales sont constituées par 3 génotypes : le génotype N'Dama, le génotype "hybride" Djakoré et le génotype zébu (Gobra - Maure). Cette structuration génotypique est en corrélation avec la structure phénotypique, à partir de laquelle, l'existence de ces trois groupes caractérisés par trois génotypes différents, était prédite.

Conclusion partielle

Le caractère polymorphique des loci microsatellites a permis d'une part de mettre en évidence les indices basiques de la diversité génétique, dont les valeurs élevées montrent une importante variabilité génétique chez les populations bovines locales. Cette variabilité génétique considérable pourrait être un atout pour la conservation et la sélection des races à améliorer dans les programmes d'insémination artificielle au Sénégal pour faire face aux changements globaux et aux besoins conséquents en lait et en viande. L'autre point intéressant de cette étude est le statut "hybride" de la population Djakoré dans l'élevage bovin du Sénégal, car c'est la première fois qu'elle est caractérisée au niveau moléculaire. L'estimation de la variabilité génétique intra-population révèle que Djakoré possède le plus grand nombre moyen d'allèles privés parmi toutes les populations locales, favorisant certainement son évolution rapide en une population "hybride" stabilisée dans le Sud du Bassin Arachidier.

D'autre part, le polymorphisme des loci microsatellites a révélé que les populations bovines locales sont constituées par 3 génotypes, représentés respectivement par le génotype N'Dama, le génotype "hybride" Djakoré et le génotype zébu (Gobra-Maure). Au vu de la composition génotypique de chacune de ces populations, de cette étude génétique, il ressort que N'Dama est une "race génétique", tandis que Djakoré est une population "hybride" stabilisée. Les populations zébu Gobra et zébu Maure pourraient devenir une seule race au niveau moléculaire.

Conclusion générale et Perspectives

C'est dans une perspective d'amélioration des caractères d'intérêt pour la productivité et l'adaptation face aux changements globaux, et la conservation des races locales, que cette étude a été réalisée. Les outils et les méthodes de caractérisation phénotypique et moléculaire ont permis d'évaluer la diversité et la structure génétique actuelle des races bovines locales du Sénégal.

De cette évaluation, il ressort que l'augmentation du flux de gènes entre populations par les croisements génétiques indiscriminés et les changements de systèmes de production a conduit à une modification de la structure génétique des populations en question qui est certainement causée par le phénomène de consanguinité et plus particulièrement l'introgession génétique. La consanguinité a favorisé la déstabilisation du pool génétique des zébus et par conséquent les populations Gobra et Maure pourraient devenir une seule race. Ce qui constitue une réelle menace pour l'évolution du génotype des zébus dans leurs systèmes de production naturels. En effet, cette remarque a été déjà faite sur le plan phénotypique dans le cas où certains caractères standards qui distinguaient ces deux populations auraient tendance à disparaître au fil du temps sous la perpétuité des croisements non contrôlés dans leurs zones d'élevage. Quant à l'introgession génétique, elle a conduit de manière négative à la dilution du pool génétique de la race N'Dama qui a perdu son statut de race "pure". Ceci confirme l'hypothèse de Ndiaye *et al.* (2012) sur le statut de la race N'Dama et que l'ADNmt est loin d'être approprié pour les études d'assignation et de structure génétique des populations naturelles. Cependant, l'émergence du génotype Djakoré et son évolution en une population "hybride" stabilisée constitue le seul élément positif de l'introgession génétique de zébus dans la race N'Dama. D'ailleurs en Afrique de l'Ouest, il y a deux populations homologues du Djakoré, notamment Kuri du Tchad et Borgou du Bénin qui sont considérées comme des races naissantes de l'introgession de zébus dans les populations taurines ouest africaines (Moazami-Goudarzi *et al.*, 2001 ; Freeman *et al.*, 2004). En accord avec nos résultats, l'hypothèse selon laquelle les croisements indiscriminés et les modifications des systèmes de production ont pu conduire à une augmentation du flux de gènes entre populations est bien vérifiée.

Nos résultats nous ont permis de formuler les recommandations suivantes à l'endroit des pouvoirs publics et au Plan d'action mondial pour la gestion des ressources génétiques animales :

- ☞ D'adopter de nouveaux critères de sélection génétique basés sur les variants laitiers associés aux meilleures performances de production dans les programmes d'insémination artificielle au Sénégal.

- ☞ De favoriser la sélection des races zébus Gobra et Maure car elles constitueraient les meilleurs génotypes pour l'amélioration des potentialités de production dans les zones d'excellence à vocation agropastorale du Sénégal.
- ☞ De revoir les modalités de gestion des animaux dans leurs biotopes locaux, car les facteurs environnementaux tels que l'année de vêlage, le mois de vêlage, la parité de vêlage, l'année de naissance et le stade de lactation ont une influence importante sur l'efficacité et la rentabilité de production et de reproduction dans ces élevages fragilisés.
- ☞ De revaloriser l'élevage en race pure comme mesures prioritaires dans les centres d'élevage pour les populations de zébus et de définir de nouvelles conditions de gestion spécifiques et adaptées pour chacune d'elle afin d'éviter une érosion génétique.
- ☞ D'établir les mêmes critères de conduite et de surveillance des populations N'Dama et Djakoré pour réduire les coûts liés à la conservation et préserver leurs caractères standards pour éviter la perte d'identité génétique.
- ☞ D'élaborer des directives de conduite de la transhumance pour chaque population en fonction de leurs besoins afin de réduire les croisements non contrôlés.

A la suite de ces travaux, une étude sur les gènes des principales lactoprotéines bovines (kappa caséine et bêta lactoglobuline) est incontournable, car la quantité et la qualité du lait sont des traits d'intérêt économique très importants. Les variations en composition et en rendement laitier chez les bovins dues certainement aux facteurs génétiques (variation allélique de nombreux loci) et environnementaux (climat, conditions de gestion, stade de lactation etc.) conduisent à de multiples traits polygéniques. La variation des différents traits génétiques laitiers est la base de la sélection, car les protéines du lait ont un intérêt intensif dans la recherche, en raison de leur importance dans la sélection génétique. L'identification des variants laitiers et la connaissance des haplotypes pourvus des meilleures performances de production permettrait de suppléer les méthodes classiques par une sélection moléculaire lors des programmes d'insémination artificielle au Sénégal.

Un programme de suivi de l'évolution du génotype Djakoré dans son environnement local sera également réalisé grâce à une étude démographique avec les gènes mitochondriaux (Cytochrome B et D-loop).

Références Bibliographiques

Amin M.R., Habib M.A. et Bhuiyan A.K.F.H. 2013. Reproductive potential of Red Chittagong cattle in Bangladesh. *J. Trop. Resour. Sustain. Sci.*, 1: 71-86.

Anderson S., De Bruijn M.H., Coulson A.R., Eperon I.C., Sanger F. et Young I.G. 1982. Complete sequence of bovine mitochondrial DNA. Conserved features of the mammalian mitochondrial genome. *J. Mol. Biol.*, 156 : 683-717.

ANSD. 2013. Situation Economique et Sociale du Sénégal en 2011. Point E-Dakar-Sénégal : ANSD, 343p.

Arif I.A., Bakir M.A. et Khan H.A. 2012. Inferring the Phylogeny of Bovidae Using Mitochondrial DNA sequences: Resolving Power of Individual Genes Relative to Complete Genomes. *Evol. Bioinform.*, 8: 139-159.

Badri T.M., Atta M., Mohamed T.I. et Gubartalla K.A. 2011. *Res. Opin. Anim. Vet. Sci.*, 1: 193-197.

Baker N. 2005. Levels and Patterns of Genetic Diversity in Wild Populations and Cultured stocks of *Cherax quadricarinatus* (von Martens, 1868) (Decapoda: Parastacidae). Thèse de Doctorat: B. App. Sci (Hons), Queensland University of Technology, 123p.

Balloux F. et Lugon-Moulin N. 2002. The estimation of population differentiation with microsatellite markers. *Mol. Ecol.*, 11: 155-165.

Banik S. et Gandhi R.S. 2010. Sire evaluation using single and multiple trait animal models in Sahiwal cattle. *Indian. J. Anim. Sci.*, 80 : 269-270.

Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N. et Bonhomme F. 2004. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5171, Université de Montpellier II, Montpellier (France). Disponible sur : « <http://Kimura.univ-montp2.fr/genetix/constr.htm#download> », (consulté le 15 Juin 2014).

Bessa I., Pinheiro I., Matola M., Dzama K., Rocha A., Alexandrino P. 2009. Genetic diversity and relationships among indigenous Mozambican cattle breeds. *S. Afr. J. Anim. Sci.*, 39: 61-72.

BIP. 2010. Genetic Diversity of Terrestrial Domesticated Animals. *In: Biodiversity Indicators Partnership*. Disponible sur: « www.twentyten.net », (consulté le 30 Novembre 2012).

-
- Bloomfield V.A. 2014. Using R for numerical Analysis in Science and Engineering. Chapman & Hall/CRC The R Series, 359p (ISBN 978-14398844).
- Boettcher P.J., Hoffmann I., Baumung R., Drucker A.G., McManus C., Berg P., Stella A., Nilsen L.B., Moran D., Naves M. et Thompson M.C. 2015. Genetics resources and genomics for adaptation of livestock to climate change. *Front. Genet.* doi: 10.3389/fgene.2014.00461.
- Bossart J.L. et Prowell D.P. 1998. Genetic estimates of population structure and gene flow: limitations, lessons and new directions. *TREE*, 13: 202-206.
- Botstein D., White R-L., Skolnick M. et Davies R.W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Human. Genet.*, 32: 314-331.
- Boujenane I. et Ouragh L. 2010. Genetic analysis of native Moroccan cattle. *LRRD*, 22 (8). Disponible sur: <<http://www.lrrd.org/>>, (consulté le 20 Juillet 2015).
- Bouyer B. 2006. Bilan et analyse de l'utilisation de l'insémination artificielle dans les programmes d'amélioration génétique des races laitières en Afrique soudano-sahélienne. Thèse Vétérinaire, Médecine-Pharmacie. LYON I : Université Claude-Bernard, 107p.
- Bowcock A.M., Linares J., Tomfohrde E., Minch J.R. Kidd. et Cavalli-Sforza L.L. 1994. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. *Nature*, 368: 455-457.
- Bradley D.G., Machugh D.E, Cunningham P. et Loftus R.T. 1996. Mitochondrial diversity and the origins of African and European cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 93: 5131-5135.
- Bradley D.G., Machugh D.E., Loftus R.T., Sow R.S., Hoste C.H., Cunningham E.P. 1994. Zébu-taurine variation in Y chromosomal DNA: a sensitive assay for genetic introgression in West African trypanotolerant cattle populations. *Anim. Genet.*, 25: 7-12.
- Broutin C., Sokona K., Tandia A., Ba M. 2000. Paysage des entreprises et environnement de la filière lait au Sénégal : Etude de Filière. Dakar : GRET et Réseau TPA, 56p.

Byungura F. 1997. Amélioration du programme d'insémination artificielle en milieu rural dans les régions de Kaolack et Fatick. Thèse d Doctorat de Médecine Vétérinaire, EISMV, Dakar, 89p.

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

CGRFA/FAO. 2013. Roadmap on climate change and genetic resources for food and agriculture. Rapport du XIVième Session régulière. CGRFA. Rome: FAO, 132p.

Chakraborty R. et Jin L. 1993. Determination of relatedness between individuals by DNA fingerprinting. *Human. Biol.*, 65: 875-570.

Chaudhari M.V., Parmar S.N.S., Joshi C.G., Bhong C.D., Fatima S., Thakur M.S. et Thakur S.S. 2009. Molecular characterization of Kenkatha and Gaolao (*Bos indicus*) cattle breeds using microsatellite markers. *Anim. Biodivers. Conserv.*, 32: 71-76.

Choi T.J., Lee S.S., Yoon D. H., Kang H. S., Kim C.D., Hwang I.H., Kim C.Y., Jin X., Yang C.G. et Seo K.S. 2012. Determination of Genetic Diversity among Korean and Hanwoo Cattle Based on Physical Characteristics. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 25 : 1205- 1215.

CIPEA/FAO/UNEP. 1979. Le bétail trypanotolérant d'Afrique Occidentale et Centrale. Tome 1 : Situation générale. Addis Abéba : CIPEA, 156p.

CIPEA/IERM, 1978. Evaluation des productivités des races bovines Maure et Peulh à la station du Sahel, Nionio, Mali. Monographie. Addis Abeba : CIPEA, 128p.

Cissé M. 1992. Situation actuelle de la production laitière au Sénégal. Dakar: LNERV, 13p.

Clark A.G. 1998. Mutation-selection balance with multiples alleles. *Genetica*, 102: 41-47.

Cornuet J.M. et Luikart G. 1996. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics*, 144:2001-2014.

Cornuet J-M, Piry S, Luikart G., Estoup A. et Solignac M. 1999. New Methods Employing Multilocus Genotypes to Select or Exclude Populations as Origins of Individuals. *Genetics*, 153: 1989-2000.

Coulomb J. 1976. La race N'dama : quelques caractéristiques zootechniques. *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays Trop.*, 29: 367-380.

Coyral-Castel S., Rame C., Fabre-Nys C., Monniaux D., Monget P., Fabre-Nys C., Monniaux D., Monget P. et Dupont J. 2009. Characterization of dairy cows carrying the “fertile+/+” or “fertile-/-” haplotypes for one QTL of female fertility located on chromosome 3. *Renc. Rech. Ruminants.*, 16: 313-316.

CSAO-OCDE/CEDEAO. 2008. Elevage et marché régional au Sahel et en Afrique de l’Ouest : Potentialités et défis. Club du Sahel et de l’Afrique de l’Ouest/OCDE, Paris : OCDE, 162p.

Cymbron T., Freeman A. R., Malheiro M.I., Vigne J-D. et Bradley D.G. 2005. Microsatellite diversity suggests different histories for Mediterranean and Northern European cattle populations. *Proc. R. Soc. B.*, 272: 1837-1843.

DAD-IS. 2013. Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS), Food and Agriculture Organization of the United Nations. Disponible sur: [«http://www.fao.org/dad-is/»](http://www.fao.org/dad-is/), (consulté le 19 Novembre 2013).

DAD-IS. 2015. Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS), Food and Agriculture Organization of the United Nations. Disponible sur: [«http://www.fao.org/dad-is/»](http://www.fao.org/dad-is/), (consulté le 07 Septembre 2015).

Dayo G.K., Thevenon S., Berthier D., Moazami-Goudarzi K., Denis C., Cuny G., Eggen A., Gautier M. 2009. Detection of selection signatures within candidate regions underlying trypanotolerance in outbred cattle populations. *Mol. Ecol.*, 18: 1801-1813.

De Meeûs T. 2012. Initiation à la génétique des populations naturelles : Application aux parasites et à leurs vecteurs. Marseille, IRD Editions, Collection Didactiques, 335p.

De Meeûs T., Béati L., Delaye C., Aeschlimann A., Renaud F. 2002a. Sex-biased genetic structure in the vector of Lyme disease, *Ixodes ricinus*. *Evolution*, 56: 1802-1807.

De Meeûs T., Gueguan J-F. et Teriokhin A.T. 2009. MultiTest V.1.2, a program to binomially combine independent tests and performance comparison with other related methods on proportional data. *BMC Bioinformatics*, 10: 443. Disponible sur: [«http://www.biomedcentral.com/1471-2105/10/443»](http://www.biomedcentral.com/1471-2105/10/443), (consulté le 15 Juin 2014).

De Meeûs T., Koffi B.B., Barré N., De Garine-Wichatitsky M., Chevillon C. 2010. Swift sympatric adaptation of a species of cattle tick to a new deer host in New-Caledonia. *Infect. Genet. Evol.*, 10 : 976-983.

Dejardin A. 2003. Contribution à l'étude de la race Brune des Alpes en France: évolution et perspectives d'avenir. Thèse d'exercice. Toulouse : Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse. ENVT, 131p.

Denis J.P. et Thiogane A.I. 1973. Caractéristiques de la reproduction chez les zébus étudiés au centre de recherches zootechniques de Dahra. *Rev. Elev. Vét. Trop.*, 26:49-60.

De Vicente M. C. et Fulton T. (eds). 2003. Using Molecular Marker Technology in Studies on Plant Genetic Diversity Studies : Learning Module. International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI). Rome, Italy, 371p.

Dia D., Broutin C., Duteurtre G. 2009. Les systèmes de collecte du lait en Afrique de l'Ouest : échec ou espoir ? *Grain de Sel*, 46-47 : 18-19.

Diawara I. 1984. Evolution de l'Elevage bovin dans la zone sylvo-pastorale du Sénégal. Thèse de Médecine Vétérinaire. Dakar : EISMV, 12, 103p.

Diop F. 1995. Amélioration de la production laitière par l'utilisation de l'Insémination Artificielle dans la région de Kaolack. Thèse de Médecine Vétérinaire. Dakar : EISMV, 13.

Diop P.E.H., Faye L., Fall R., Ly O.K., Mbaye M., Boye C.M. 1993. Maîtrise de la reproduction de la femelle N'Dama par le CRESTAR (ND). *In* : Atelier sur Amélioration génétique des bovins de l'Afrique de l'Ouest. Banjul (Gambie), FAO PROJET RAF 88/100: 2-7.

Doko A.S., Gbégo Tossa I., Tobada P., Hama Yari H., Lokossou R., Tchodo A. et Alkoiret T.I. 2012. Performances de reproduction et de production laitière des bovins Girolando à la ferme d'élevage de Kpinnou au sud-ouest du Bénin. *Bulletin de la Recherche Agronomique du Bénin*, Numéro spécial Elevage & Faune : 35-47. Disponible en ligne sur : «www.slire.net», (consulté le 20 Juillet 2015).

Dorji T., Hanotte O., Arbenz M., Rege J.E.O., Roder W. 2003. Genetic diversity of Indigenous Cattle Populations in Bhutan: Implications for conservation. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 16: 946-951.

Earl D.A. et Vonholdt B.M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genet Resour.*, 4: 359-361.

Edwards C.J., Bollongino R., Schen A., Chamberlain A., Tresset A. *et al.* 2007. Mitochondrial DNA analysis shows a Near Eastern Neolithic origin for domestic cattle and no indication of domestication of European aurochs. *Proc. R. Soc. B.*, 274: 1377-1385.

El Mousadik A. et Petit R.J. 1996. High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree [*Argania spinosa* (L.) Skeels] endemic to Morocco. *Theor. Appl. Genet.*, 92: 832-839.

Epstein H. 1971. The Origin of the Domestic Animals of Africa. Africana Publishing Corporation, New York, Vol I: 185-555.

Evanno G., Regnaut S., Goudet J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol. Ecol.*, 14: 2611-2620.

Excoffier L. et Lisher H.E.L. 2010. Arlequin suite version 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol. Ecol. Resour.*, 10: 564-567.

Excoffier L., Smouse P. et Quattro J. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131: 479-491.

Falush D., Stephens M. et Pritchard J.K. 2003. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data: Linked Loci and Correlated Allele Frequencies. *Genetics*, 164: 1567-1587.

FAO. 1997. Stratégies et plans d'action de développement de l'élevage à moyen et long terme (horizon 2010). Rome: FAO, 127p.

FAO. 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. No. 9. Rome, 85p.

FAO. 2012. La transhumance transfrontalière en Afrique de l'Ouest: Proposition de plan d'action. Rapport FAO, 146p.

FAO. 2012. Phenotypic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines No. 11. Rome, 142p.

FAO. Corporate Document Repository. 1979. Chapter 3: Description of trypanotolerant livestock. *In: Trypanotolerant livestock in West and Central Africa. Volume 1. General study.* Disponible sur: <http://www.fao.org/wairdocs/ilri/x5468e/x5468e04.htm#3.3.4.1diakoré>, (consulté le 02 Décembre 2013).

Farris J.S. 1981. Distance data in phylogenetic analysis. *In: Advances in Cladistics. Proceedings of the first meeting of the Willi Henning Society (V.A. Funk and D.R. Brooks edition).* New York Botanical garden, New York, 3-23.

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

Flores E.B., Maramba J.F., Aquino D.L., Abesamis A.F., Cruz A.F. et Cruz L.C. 2007. Evaluation of milk production performance of dairy buffaloes raised in various herds of the Philippine Carabao Center. *Ital. J. Anim. Sci.*, 6: 295-298.

Foulley J-L. et Ollivier L. 2006. Diversité Génétique et richesse allélique : concepts et application à des races bovines. *Renc. Rech. Ruminants*, 13: 227-230.

Freeman A.R., Meghen C.M., MacHugh D.E., Loftus R.T., Achukwi M.D., Bado A., Sauveroche B. et Bradley D.G. 2004. Admixture and diversity in West African cattle populations. *Mol. Ecol.*, 13: 3477-3487.

Gatesy J., Yelon D., De Salle R., Vrba E.S. 1992. Phylogeny of the Bovidae (Artidactyla, Mammalia), Based on Mitochondrial Ribosomal DNA sequences. *Mol. Biol. Evol.*, 9: 433-446.

Goudet J. 2002. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3.2). Disponible sur: <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>. Updated from Goudet (1995), (consulté le 20 Juillet 2015).

Gregoire C. 2010. Synthèse bibliographique de la filière lait locale au Sénégal. *Grain de Sel*, 10p.

Gross B.L. et Rieseberg L.H. (2005). The ecological genetics of homoploid hybrid speciation. *J. Hered.*, 96: 241-252.

Gueye M. 2011. L'avenir de l'élevage africain : Le salut par la chaîne de valeur. *SOS Faim, défis sud*, 98 : 26-28.

Guintard C., Mangin J-P., Lignereux Y. 2008. Origine et diversité des Bovinés- Domestications et représentations : l'exemple de la philatélie. Conférences de l'Assemblée Générale du SIERDA. Pontarcher (Aisne), le 2 Février 2008, 1-31. Disponible sur: http://www.oniris-nantes.fr/fileadmin/redaction/Sierda/PDF/17_-_Guntard_et_al.pdf, (consulté le 15 Février 2015).

Hanotte O., Tawah C.L., Bradley D.G., Okomo M., Verjee Y., Ochieng J. et Rege J.E.O. 2000. Geographic distribution and frequency of a taurine *Bos taurus* and an indicine *Bos indicus* Y specific allele amongst sub-Saharan African cattle. *Mol. Ecol.*, 9: 387-396.

Hartl D. L. et Clark A.G. 1997. Principles of Population Genetics, 3rd edn. Sinauer Associates, Inc, Sunderland, MA.

Hassanin A. et Douzery E.J.P. 1999. The Tribe radiation of the family Bovidae (Artiodactyla) and the Evolution of the Mitochondrial Cytochrome b Gene. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 13: 227-243.

Hiendleder S., Levalski H., Junke A. 2008. Complete mitochondrial genome of *Bos taurus* and *Bos indicus* provide new insights into intra- species variation, taxonomy and domestication. *Cytogenet. Genome Res.*, 120: 150-156.

Hoda A. et Marsan P.A. 2012. Genetic Characterization of Albanian Sheep Breeds by Microsatellites Markers. Analysis of Genetic Variation in Animals, Prof. Mahmut Caliskan (ED.), ISBN: 978-953-51-0093-5, In Tech, Disponible sur: <http://www.intechopen.com/books/analysis-of-genetic-variation-in-animals/genetic-characterization-of-albanian-sheep-by-microsatellite-markers>, (consulté le 20 Juillet 2015).

Holsinger K.E. et Weir B.S. 2009. Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting FST, EBB Articles. Paper 22. Disponible sur: http://digitalcommons.uconn.edu/eeb_articles/22, (consulté le 20 Juillet 2015).

Hoste C.H. 1992. Contribution du bétail trypanotolérant au développement au développement des zones affectées par la trypanosomiase animale africaine. *FAO World Anim. Rev.*, 70: 34-46.

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

Inrwin D.M., Kocher T.D. et Wilson A.C. 1991. Evolution of the Cytochrome b gene of Mammals. *J. Mol. Evol.*, 32: 128-144.

ISRA. 2003. Rapport National sur L'Etat des Ressources Zoogénétiques au Sénégal. Sénégal : Ministère de l'Agriculture et de l'Elevage, 47p.

Kaboré M. 2012. Etude de la diversité génétique des taurins Baoulé du Burkina Faso à l'aide de marqueurs microsatellites. DEA en Génétique, Sciences Biologiques Appliquées. Ouagadougou : Université d'Ouagadougou, 68p.

Kalinowski S.T., Taper M.L. et Marshall T.C. 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*, 16: 1099-1106. Disponible sur: <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03089.X> », (consulté le 20 Juillet 2015).

Kanai E.T., Wamagi I.T. et Zagi I. 2013. Phenotypic characterization of white Fulani (Bunaji) and Bunaji x Friesian breed of cattle from National Animal Production Research Institute (NAPRI) cattle herd from Nigeria. *World J. Agric. Sci.*, 1: 215-219.

Kane M. 1995. Les races d'animaux élevées en Mauritanie. *AGRI*, 15: 3-22.

Khang'maté A.B., Lahou-Kassi A., Bakana B.M. et Kahungu M. 2000. Performances de reproduction des bovins N'Dama dans le Diocèse d'Idiofa. *Revue. Méd. Vét.*, 151: 511-516.

Khodaei Motlagh M., Roohani Z., Zare Shahne A. et Moradi M. 2013. Effects of age at calving, parity, year and season on reproductive performance of dairy cattle in Tehran and Qazvin Provinces. *Iran. Res. Opin. Anim. Vet. Sci.*, 3: 337-342.

Konté M. 1994. Pathologie de la reproduction chez les bovins au Senegal. Séroépidémiologie des maladies bactériennes. Mise au point d'une sonde de détection des leptospires pathogènes par la technique PCR. Thèse de Doctorat d'Etat es Sciences Naturelles. Dakar : Université Cheikh Anta Diop de Dakar, 261 p.

Kostia S. 2000. Genomic evolution and diversity in Artiodactyla. University of Helsinki: Department of Biosciences, Division of Genetics. Academic Thesis Dissertation in Genetics, 41p.

Kouamo J., Sow A., Leye A., Sawadogo G.J. et Ouedrago G.A. 2009. Amélioration des performances de production et de reproduction des bovins par l'utilisation de l'insémination artificielle en Afrique Sub-saharienne et au Sénégal. *EISMV de Dakar-RASPA*, 7:139-148.

Kumar N., Eshetie A., Aheha T. et Yizengaw H.A. 2014. Productive performance of indigenous and HF crossbred dairy cows in Gondar, Ethiopia. *Vet. World.*, 7 (3): 177-181.

Langella O. 1999. POPULATIONS version 1.2.28. Population genetic software (individuals or populations distances, phylogenetic trees). CNRS, France, Disponible sur: <http://www.pge.cnrs-gif.fr>, (consulté le 20 Juillet 2015).

Lauvie A. 2007. Gérer les populations animales locales à petits effectifs : Approche de la diversité des dispositifs mis en œuvre. Thèse de Doctorat, Paris : Gestion des ressources génétiques animales. Agro Paris Tech, 374p.

Lenstra J.A. et Bradley D.G. 1999. Systematics and Phylogeny of cattle (ed. R. Fries and A. Ruvinsky) CAB © International, 1-14.

Leye A. 2012. Analyse de l'influence des facteurs limitant la réussite de l'insémination artificielle bovine dans les élevages traditionnels au Sénégal. Thèse de Doctorat, Productions et Biotechnologies Animales. Dakar : Université Cheikh Anta Diop de Dakar, 158p.

Lhoste P.H. 1978. Les races taurines de l'ouest Africain : situation et conservation. Communication à la Journée d'Etude d'Ethnozootecnie (ORSTOM), Mai 1978. Centre de Recherches Zootechniques. Côte d'Ivoire: *INRA*, 26: 126-128.

Li Y-C., Korol A.B., Fahima T., Beiles A. et Nevo E. 2002. Invited review. Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. *Mol. Ecol.*, 11: 2553-2465.

Linnaeus C. 1758. Species *Bos taurus*. *Systema Naturae*, Tomus I. Holmriae. Impensis Direct, LAURENT II SAL VII, 10 (1), 71p.

Liron J.P., Peral-Garcia P. et Giovambattista G. 2006. Genetic Characterization of Argentine and Bolivian Creole Cattle Breeds Assessed through Microsatellites. *J. Hered.*, 97: 331-339.

Loftus R.T., MacHugh D.E., Bradley D.G., Sharp P.M. et Cunninghame P. 1994. Evidence for two independent domestications of cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 91: 2757-2761.

Luikart G.L., Allendorf F.W., Cornuet J-F. et Sherwin W.B. 1998. Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. *J. Hered.*, 89: 238-247.

MacEachern S., Mc Ewan J. et Goddard M. 2009. Phylogenetic reconstruction and the identification of ancient polymorphism in the Bovini tribe (Bovidae, Bovinae). *BMC Genet.*, 10: 1471-2164.

Machado M.A., Schuster I., Martinez M.L. et Campos A.L. 2003. Genetic Diversity of four Cattle Breeds Using Microsatellite Markers. *R. Bras. Zootec.*, 32: 93-98.

MacHugh D.E., Shriver M.D., Loftus R.T., Cunningham P. et Bradley D.G. 1997. Microsatellites DNA Variation and the Evolution, Domestication and Phylogeography of Taurine and Zebu cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*). *Genetics*, 146: 1071-1086.

Mahmoudi B., esteghamat O., Sharhriyar A. et Babayev M.S. 2012. Genetic characterization and bottleneck analysis of Korbi Jobnub Khorasan goats by microsatellite markers. *J. Cell Mol. Ecol.*, 10: 61-69.

Manwell C. et Baker M.A. 1980. Chemical classification of cattle .2. Phylogenetic tree and specific status of zebu. *Anim. Blood. Group. Biochem. Genet.*, 11: 151-162.

Maudet C., Luikart G. et Taberlet P. 2002. Genetic diversity and assignment tests among seven French cattle breeds based on microdatellite DNA analysis. *J. Anim. Sci.*, 80: 942-950.

MEATEU. 2001. Situation générale de la diversité biologique au Mali. Tome I. Mali: Meateu, 34p.

Meyer C. 1998. La reproduction des bovins en zone tropicale (Le cas des taurins N'dama et Baoulé). Cours de DESS de Productions Animales en Régions Chaudes, 2^e édition, CIRAD-EMVT.

Meyer C., ed. sc., 2013. Dictionnaire des Sciences Animales. [Online]. Montpellier, France, CIRAD. Disponible sur : [«http://www.dico-sciences-animales.cirad.fr./»](http://www.dico-sciences-animales.cirad.fr/), (consulté le 03 Décembre 2013).

Missohou A., Bankole A.A., Niang A.T., Ragounanadea G., Talaki E. et Bitar I. 1997. Le Zébu Gobra : caractères ethniques et performances zootechniques. *Anim. Genet. Res.*, 22: 53-60.

- Moazami-Goudarzi K., Belemsaga D.M.A., Ceriotti G., Laloé D., Fagbohoun F., Kouagou N'T., Sidibé I., Codjia V., Crimella M.C., Grosclaude F. et Touré S.M. 2001. Caractérisation de la race bovine Somba à l'aide de marqueurs moléculaires. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays Trop.*, 54: 129-138.
- Mona S., Catalaro G., Lari M., Larson G., Boscato P., Casoli A. *et al.* 2010. Population dynamic of the extinct European aurochs : genetic evidence of a north - south differentiation pattern and no evidence of post – glacial expansion. *BMC Evol. Biol.*, 10: 83. Disponible sur: «<http://www.biomedcentral.com/1471-2148/10/83>», (consulté le 03 Décembre 2013).
- Mondal S.C., Alam M.M., Rashid M.M., Ali M.Y. et Hossain M.M. 2005. Comparative study on the productive and reproductive performance of different dairy genotypes reared in Bangladesh. *Pak. J. Nutr.*, 4: 222-225.
- Moramrazi S., Torshizi Vaez R., Rouzbehan, Sayyadnejad M.B. 2007. Estimates of genetic parameters for production and traits in Khuzestan buffalos of Iran. *Ital. j. Anim. Sci.*, 6: 421-424.
- N**gono-Ema P.J., Manjeli Y., Meutchieyié F., Keambou C., Wanjala B., Desta A.F., Ommeh S., Skilton R. et Djikeng A. 2014. Genetic diversity of four Cameroonian indigenous cattle using microsatellite markers. *J. of Livestock Sci.*, 5: 9-17.
- N'Goran K.E., Yapi- Gnaore C.V., Fantodji T.A. et N'Goran A. 2008. Phenotypical characterization and productive traits of dairy cows from three regions of Côte d'Ivoire. *Arch. Zootec.*, 57: 415-426.
- Ndiaye N.P., Sow A., Sawadogo G.J. et Sembène M. 2012. Biochemical and genetic identification of Senegalese cattle breeds (Artiodactyla: Bovidae). *E3 J. Biotechnol. Pharm. Res.*, 3:149-160.
- Nei M. 1972. Genetic distance between populations. *Am. Nat.*, 106: 283-292.
- Nei M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 70: 3321-3323.
- Nei M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89: 853-590.
- Nei M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University press, New York, 506p.

Nei M. et Chesser R.K. 1983. Estimation of fixation indices and gene diversities. *Ann. Hum. Genet.*, 47: 253- 486.

Nei M. et Takezaki N. 1994. Estimation of genetic distances and phylogenetic trees from DNA analysis. *In: Proceedings of the 5th world congress of genetic applied to livestock production, 7-12 August, 1994, Guelph, Canada*, 21: 405-412.

Nei M., Tadjima F. et Tateno Y. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data .II. Gene frequency data. *J. Mol. Evol.*, 19: 153-170.

Nguyen T.T., Genini S., Bui L.C., Veogeli P., Stranzinger G., Renard J.P., Maillard J.C. and Nguyen B.X. 2007. Genomic conservation of cattle microsatellite loci in wild gaur (*Bos gaurus*) and current genetics status of this species in Vietnam. *BMC Genet.*, 8: 77.

NISDEL. 2004. Situation et Perspectives du sous-secteur de l'élevage : Caractéristiques, contraintes, Enjeux et Plans d'Actions. Sénégal : Ministère de l'Agriculture de l'Élevage et de l'Hydraulique, 28p.

Novacek M.J. 1992. Mammalian phylogeny: shaking the tree. *Nature*, 356: 121-125.

Ohta T. et Kimura M. 1973. Model of mutation appropriate to estimate number of electrophoretically detectable alleles in a finite population. *Genet. Res.*, 22: 201-204.

Oliveira J.F.C., Neves J.P., Almeida E.A., Steigleder C.S., Moraes J.C.F., Gonçalves P.B.D. et Weimer T.A. 2005. Association between reproductive traits and four microsatellites in Brangus –Ibagé cattle. *Genet. Mol. Biol.*, 28:54-59.

Ollivier L., Chevalet C., Foulley J-L. 2000. Utilisation des marqueurs pour la caractérisation des ressources génétiques. *INRA Productions Animales*, numéro hors-série Génétique moléculaire, 247-252.

Oosterhout C.V., William F.H., Wills D.P.M., Shipley P. 2004. Program Note: Microchecker: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Mol. Ecol. Notes.*, 4: 535-538.

Paetkau D., Calvert W., Stirling I., Strobeck C. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Mol. Ecol.*, 4: 347-354.

Paul M.C.B. 2005. Sénégal : un système de santé animale en voie de privatisation. Thèse de Doctorat Vétérinaire. Alfort : Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, 225p.

Peakall R. et Smouse P-E. 2012. GenAIEX 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research –an update. *Bioinformatics*, 28: 2537-2539. Doi:10.1093/bioinformatics/bts460.

Piry S., Alepatite A., Cornuet J-M., Paetkau D., Badouin L. et Estoup A. 2004. GeneClass 2: A software for genetic assignment and first –generation migrant detection. *J. Hered.*, 95: 536-539.

PNDE. 2011. Diagnostic du Secteur de l'Elevage. Document N°1. Version finale. Dakar : Ministère de l'Elevage, 43p.

Prichard J.K., Stephens M. et Donnelly P. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155: 945-959.

Rambaut A. 2014. Fig Tree version 1. 4. 2. Disponible sur: «<http://www.tree.bio.ed.ac.uk/>», (consulté le 15 Juillet 2015).

Rege J.E.O. et Gibson J.P. 2003. Animal genetic resources and economic development: issues in to economic valuation. *Ecol. Econom.*, 45:319-330.

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

Roberts C.J. et Gray A.R. 1973. Studies on trypanosome- resistant cattle II. The effect of trypanosomiasis N'Dama, Muturu and Zébu cattle. *Trop. Anim. Hlth. Prod.*, 5: 220-233.

Robertson A. et Hill W.G. 1984. Deviations from Hardy-weinberg proportions: sampling variances and usent in estimation of inbreeding coefficients. *Genetics*, 107: 713-718.

Rousset F. 2008. GENEPOP'007: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. *Mol. Ecol. Resour.*, 8: 103-106.

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

SAS Intitute Inc. 1998. STATVIEW version 5.0. Disponible sur : «<http://statview.software.informer.com/5.0/>», (consulté le 10 juin 2015).

- Schibler L., Vaiman D., Cribo E.P. 2000. Polymorphisme de l'AND. *INRA Prod. Anim.*, numéro hors-série «Génétique moléculaire : principes et applications aux populations animales», 37-43.
- Sharma R., Maitra A., Singh P.K. et Tantia M.S. 2013. Genetic diversity and relationship of cattle populations of East India: distinguishing lesser know cattle populations and established breeds based on STR markers. *SpringerPlus*, 2:359. Disponible sur: «<http://www.springerplus.com/content/2/1/359>» (consulté le 10 juin 2015).
- Shi Z., Lee J.H., Oh D.Y., Yeo J.S. 2010. Analysis of genetic diversity and distances in Asian cattle breeds using microsatellite markers. *J. Korean Data Inf. Sci. Soc.*, 21: 795-802.
- Silva Filho E., Azvedo J.S.N., Rodrigues L.F.S., Pinheiro L.M.L., DeRosia M.R., Almeida T.T.G., Monteiro F.O.B. et Campelo J.E.G. 2014. Molecular evidences of mutation-drift equilibrium by microsatellite markers in four meat producer bovine breeds in Brazil. *J. Anim. Plant. Sci.*, 24: 1691-1694.
- Simon L. 2011. Définition de quelques notions utilisées en génétique et sélection avicole. *Flash – infos*, 5: 5-10.
- Singh G., Thakur Y., Kour A., Sankhyan V., Katoch S. 2015. Genetic characterization of Gaddi goat breed of Western Himalayas using microsatellite markers. *Vet. World*, 8: 527-531.
- Sneath P.H.A. et Sokal R.R. 1973. Numerical taxonomy: the principles and practice of numerical classification. San Francisco: Freeman, 573p.
- Sokouri D.P., Loukou N.E., Yapi-Gnaore C.V., Mondeil F. et Gngangbe F. 2007. Caractérisation phénotypique des bovins à viande (*Bos taurus* et *Bos indicus*) au centre (Bouaké) et au nord (Korhogo) de la Côte d'Ivoire. *Anim. Genet. Res.*, 40: 43-53.
- Sokouri D.P., Yapi-Gnaore C.V., N'Guetta A.S.P., Loukou N.E., Kouao B.J., Toure G. et Sangare Et. A. 2010. Performances de reproduction des races bovines locales de Côte d'Ivoire. *J. Appl. Biosci.*, 36: 2353-2359.
- Sow R.S., Denis J.P., Trail J.C.M., Thiongane P.I., Mbaye M. et Diallo L. 1988. Productivité du zébu Gobra au centre de recherches zootechniques de Dahra (SENEGAL). Vol 1, N°2. Dakar: ISRA, 46p.

SPSS Inc. 2012. SPSS version 16.0. Disponible sur: <http://www.spss.com>, (consulté le 10 juin 2015).

Suh S., Kim Y-S., B M-J., C S-B., Ko Y-G., Lee C.W., Jung K-S., Bae K.H. et Kim J-H. 2014. Assessment of Genetic Diversity, Relationships and Structure among Korean Native Cattle Breeds Using Microsatellite Markers. *Asian Australas. J. Anim. Sci.*, 27 (11): 1548-1553.

Tadesse M., Thiengtham J., Pinyopummin A. et Prasanpanich S. 2012. Productive and reproductive performance of Holstein Friesian dairy cows in Ethiopia. *Livest. Res. Rural Dev.*, 22:1-10.

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

Teriokhin A.T., De Meeûs T., Guégan G. F. 2007. On the power of some binomial modifications of the Bonferroni multiple test. *Zh. Obshch. Biol. (J. Gener. Biol.)*, 68 : 332-340.

Thiam M.M. 1989. Actualités sur la maîtrise du cycle sexuel chez la femelle zébu (*Bos indicus*) en Afrique. Thèse de Doctorat de Médecine Vétérinaire. Dakar : EISMV, 90p.

Thiruvankadan A.K, Jayakumar V., Kathiravan P., Saravanan R. 2014. Genetic architecture and bottleneck analyses of Salem Black goat breed based on microsatellite markers. *Vet. World*, 7: 733-737.

Toth G., Gaspari Z., Juska J. 2000. Microsatellites in different eukaryotic genomes: survey and analysis. *Genome Res.*, 10: 967-981.

Touré S.M. 1977. La trypanotolérance : Revue de connaissances. *Rev. Elev. Vét. Pays Trop.*, 30: 157-174.

Traoré A. 2010. Caractérisation des ressources génétiques caprines du Burkina Faso à l'aide d'indices morpho-biométriques et de marqueurs moléculaires. Thèse de Doctorat Unique. Ouagadougou : Université d'Ouagadougou, 110p.

Tucho T.A. 2004. Genetic characterization of indigenous goat populations of Ethiopia using microsatellite DNA markers. Thesis in Animal genetics and Breeding, National Dairy Research Institute: Deemed University of Karnal (Haryana) in India, 260p.

Vall E. et Balaya I. 2004. Note d'état corporel des zébus soudaniens. Fiche technique. Bobo-Dioulasso, Burkina Faso: CIRDES, n°12, 8p.

Vissac B. 1993. Société, race animale et territoire entre les théories et l'histoire : réflexions sur une crise, *Nat. Sci. Soc.*, 1(4) : 282-297.

Wahlund S.1928. Zusammensetzung von populationenund korrelationsers-chinungen von standpunkt der vererbungslehre ans betrachtet. *Hereditas*, 11: 65-108.

Weir B.S. et Cockerham C.C. 1984. Estimating F-statistics for analysis of population structure. *Evolution*, 38: 1358-1370.

Weldeslasse G.T., Zeleke Z.M. et Gangwar S.K. 2012. Reproduction and productive performances of dairy cattle in central one of Tigray, Northern Ethiopia. *I. J. A. B. R.*, 2: 58-63.

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

Wright S. 1951. The genetical structure of populations. *Ann. Eugenics.*, 15: 323-354.

Wright S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to system of mating. *Evolution*, 19: 395-420.

Wright S. 1969. Evolution and the Genetics of Populations. The theory of Gene Frequencies. University of Chicago Press, Chicago, Vol 2.

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

Yapi-Gnaoré, C.V., Oya B.A. et Outara Z. 1996. Revue de la situation des races d'animaux domestiques de Côte d'Ivoire. *Anim. Genet. Res.*, 19: 99-118.

Youssao A.K.I., Koutinhouin G.B., Kpodekou T.M., Bonou A.G., Ahounou G.S. et Manot J. 2009. Performances zootechniques et aptitudes bouchères des porcs locaux au Sud du Benin. *Bull. Anim. Hlth. Pro. Afr.*, 57 : 73-87.

Annexes

Annexe 1 : Questionnaire de type 1 (animal)

Questionnaire 1 (animal)

Numéro de l'échantillon _____

Numéro d'identifiant officiel de l'animal (si disponible) _____

Code de l'espèce _____

BI: *Bos indicus* (zébu)

BT: *Bos taurus* (taurine)

BTI: (zébu x taurin)

Nom de la race : _____

Identifiant de l'animal _____

Go (zébu Gobra)

Ma (zébu Maure)

ND (N'Dama)

Dj (Djakoré)

Données sur l'échantillonnage et les animaux

¹Sexe de l'animal : femelle () mâle ()

Année de naissance de l'animal : _____ (AAAA)

Age (en mois ou années): _____

Lieu (localité) de naissance de l'animal : _____

Date de collection : _____ (JJ/MM/AAAA)

Nom du collecteur : _____

Institution du collecteur : _____

Adresse de l'exploitation (traditionnelle, moderne, centre d'élevage)

Département: _____

Région: _____

Localité: _____

Ville la plus proche: _____

¹ Sexe : 1 = femelle, 2 = mâle.

Observations phénotypiques

Profil de la tête :	concave <input type="checkbox"/>	convexe <input type="checkbox"/>	rectiligne <input type="checkbox"/>
Forme des yeux :	arrondie <input type="checkbox"/>	polygonale <input type="checkbox"/>	
Présence de cornes :	absence <input type="checkbox"/>		présence <input type="checkbox"/>
Orientation des cornes :	latéralement <input type="checkbox"/>	vers le haut <input type="checkbox"/>	vers le bas <input type="checkbox"/>
	vers l'avant <input type="checkbox"/>	vers l'arrière <input type="checkbox"/>	
Couleur des cornes :	noir <input type="checkbox"/>	brun <input type="checkbox"/>	blanche (non pigmenté) <input type="checkbox"/>
Forme des cornes :	droite <input type="checkbox"/>	curviligne <input type="checkbox"/>	en forme de lyre <input type="checkbox"/> taillée <input type="checkbox"/>
Forme des oreilles :	arrondie <input type="checkbox"/>		droite-tranchant <input type="checkbox"/>
Port des oreilles :	horizontal <input type="checkbox"/>		tombant <input type="checkbox"/>
Développement du fanon :	absence <input type="checkbox"/>	développé <input type="checkbox"/>	moyenne <input type="checkbox"/> faiblement développé <input type="checkbox"/>
Forme de la bosse :	absence <input type="checkbox"/>	droite <input type="checkbox"/>	tombant (vers l'arrière) (latéralement) <input type="checkbox"/>
Taille de la bosse :	absence <input type="checkbox"/>	petite <input type="checkbox"/>	moyenne <input type="checkbox"/> large <input type="checkbox"/>
Longueur de la queue :	courte (au dessus du jarret) <input type="checkbox"/>		moyenne (aux alentours du jarret) <input type="checkbox"/>
	longue (en dessous du jarret) <input type="checkbox"/>		
Position de la bosse :	thoracique <input type="checkbox"/>		absence <input type="checkbox"/>
Couleur de la paupière :	pigmentée <input type="checkbox"/>		non pigmentée (noir) <input type="checkbox"/>
Couleur du museau:	pigmentée <input type="checkbox"/>		non pigmentée (noir) <input type="checkbox"/>
Couleur du sabot :	pigmentée <input type="checkbox"/>		non pigmentée (noir) <input type="checkbox"/>
Couleur de la peau :	pigmentée <input type="checkbox"/>		non pigmentée (noir) <input type="checkbox"/>
Patrons pigmentaires :	uniforme <input type="checkbox"/>	zoné <input type="checkbox"/>	tacheté <input type="checkbox"/>

Couleurs de la robe:	dominante	secondaire
Noir	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Brun	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Rouge	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Fauve	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Gris	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Blanc	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Froment	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Marron	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Blanc sale	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

¹Note d'état corporel: _____

¹ Cachectique (0) ; Trop maigre (1) ; Maigre (2) ; Bon (3) ; Très bon (4) et Trop gras (5)

Utilisation de l'animal :

Production de viande

Production de lait

Force de traction

Recherche

Traits d'importance économique

Rendement laitier (matin): _____ (litres)

Rendement laitier (soir) : _____ (litres)

Rendement laitier journalier : _____ (litres)

Age au premier vêlage : _____ (mois)

Intervalle vêlage-vêlage : _____ (jours)

Durée de lactation : _____ (jours)

Facteurs environnementaux fixes

Année de naissance : _____ (AAAA)

Année et mois de vêlage: _____ (AAAA) ; _____ (mois)

Age au vêlage : _____ (mois)

Parité de vêlage : _____

¹**Saison de vêlage :** _____

² **Stade de lactation:** début milieu fin

³**Saison de lactation :** _____

¹ Saison sèche(1) : (Novembre-Mai) et Saison des pluies (2) : (Juin-Octobre)

² Début (3 premiers mois après vêlage), milieu (3-6 mois après vêlage), fin (6 mois après vêlage)

Annexe 2 : Questionnaire de type 2 (race locale et environnement de production)

Questionnaire 2 (race locale et environnement de production)

Nom de l'éleveur : _____

Situation sociale : _____

Numéro de téléphone : _____

Composition en races du troupeau : _____

Numéro de l'exploitation : _____

Identifiant de l'exploitation : _____

Partie 1 : Descripteurs de la race

Emplacement principal

(localité, région et zone agro-écologique) : _____

Taille du troupeau

Nombre d'animaux par troupeau : _____

Nombre d'éleveurs par troupeau

: _____

Communautés de management de la race

agriculteurs commerciaux

éleveurs de subsistance

nomades

centre d'élevage

Adaptabilité dans l'environnement de production

résistance à la chaleur : _____

au stress nutritionnel : _____

aux maladies : _____

Description des conditions de gestion

description des habitats : _____

conduites alimentaires : _____

conduites sanitaires : _____

Données sur l'état des troupeaux

Type d'exploitation

traditionnelle

centre d'élevage

moderne

Utilisation des animaux par ordre d'importance

viande lait fumier traction

recherche

Partie 2 : Descripteurs de l'environnement de production

☛ Caractéristiques générales

Coordonnées géographiques : _____

L'environnement de production décrit ou non un système de transhumance saisonnier : _____

La durée pendant laquelle les animaux restent dans leur environnement de production : _____

☛ Caractéristiques relatives à la transhumance

Période : _____

Périodicité : _____

Durée : _____

Itinéraire : _____

D'autres races rencontrées durant la transhumance et les lieux exactes : _____

Transhumance utilisant une partie ou le troupeau entier : _____

☛ Gestion de l'environnement

❖ Type de système d'élevage

- pastoral
 - agropastoral
 - semi-intensif ou intensif

❖ Niveau de confinement (se réfère ou non aux périodes pour lesquelles les animaux sont confinés dans un étable ou enclos)

- la plupart des animaux sont en permanence en milieu ouvert
 - la plupart des animaux sont confinés seulement la nuit
 - la plupart des animaux sont confinés sur une base saisonnière
 - la plupart des animaux sont confinés en permanence

❖ Différents critères d'adaptation des races en fonction du climat:

- tolérants à la chaleur - faible taux d'humidité
 - tolérants à la chaleur - humidité élevée
 - tolérants au froid - faible taux d'humidité
 - tolérants au froid - humidité élevée
 - adaptés au rayonnement solaire élevé

❖ Prévention contre les maladies et autres menaces pour la santé

- La plupart des animaux sont vaccinés:

- jamais - occasionnellement - régulièrement

- La plupart des animaux sont soumis avec un traitement vétérinaire quand ils sont malades:

- non
 - oui

❖ **La disponibilité et gestion de l'alimentation et de l'eau**

• L'accès à l'eau potable :

- non limitée
- occasionnellement restreinte
- souvent limitée

• La disponibilité de la nourriture :

- non limitée
- souvent limitée pendant certaines périodes de l'année
- limitée tout au long de l'année

• Type d'alimentation

Types d'alimentation des animaux

Pâturage

Résidus de récolte (foin, fourrage, paille etc.)

Concentrés (tourteaux d'arachide, graines de coton, son de mil, grains de maïs, etc.)

Intrants industriels (aliment de bétail)

Supplémentation en minéraux et vitamines

Annexe 3 : Répartition des animaux sélectionnés pour le génotypage selon la race, le sexe et la localité d'origine. Sexe : M= Mâle ; F= Femelle.

Races	Identifiant individu	Sexe	Localités d'origine	Code génétique	Races	Identifiant individu	Sexe	Localités d'origine	Code génétique
Zébu Gobra	GoNb01	M	Ndiebel	G01	Zébu Maure	MaWd01	F	Wardiakhal	M01
	GoNb02	M	Ndiebel	G02		MaKO02	F	Koutal Ouolof	M02
	GoNb03	F	Ndiebel	G03		MaNf03	F	Ndiaffate	M03
	GoNb04	F	Ndiebel	G04		MaNf04	M	Ndiaffate	M04
	GoWd05	M	Wardiakhal	G05		MaTS06	F	Taba Darou Salam	M06
	GoWd06	F	Wardiakhal	G06		MaTS07	F	Taba Darou Salam	M07
	GoWd07	F	Wardiakhal	G07		MaTS08	F	Taba Darou Salam	M08
	GoWd08	F	Wardiakhal	G08		MaTS09	F	Taba Darou Salam	M09
	GoWd14	F	Wardiakhal	G14		MaTS11	F	Taba Darou Salam	M11
	GoKO19	F	Koutal Ouolof	G19		MaTS12	M	Taba Darou Salam	M12
	GoKO20	F	Koutal Ouolof	G20		MaTS13	F	Taba Darou Salam	M13
	GoKO21	M	Koutal Ouolof	G21		MaTS14	F	Taba Darou Salam	M14
	GoKO23	F	Koutal Ouolof	G23		MaTS15	F	Taba Darou Salam	M15
	GoKO25	F	Koutal Ouolof	G25		MaTS16	F	Taba Darou Salam	M16
	GoKO27	F	Koutal Ouolof	G27		MaTS17	F	Taba Darou Salam	M17
	GoKO28	M	Koutal Ouolof	G28		MaNg19	F	Ndiouguette	M19
	GoKO30	F	Koutal Ouolof	G30		MaNg20	F	Ndiouguette	M20
	GoPD31	F	Peulh Djeuss	G31		MaNg21	F	Ndiouguette	M21
	GoPD32	F	Peulh Djeuss	G32		MaNg22	F	Ndiouguette	M22
	GoPD34	F	Peulh Djeuss	G34		MaNg23	F	Ndiouguette	M23
	GoPD35	F	Peulh Djeuss	G35		MaNg24	F	Ndiouguette	M24
	GoPD37	F	Peulh Djeuss	G37		MaPD27	F	Peulh Djeuss	M27
	GoPD38	F	Peulh Djeuss	G38		MaPD28	M	Peulh Djeuss	M28
	GoPD39	F	Peulh Djeuss	G39		MaPD29	M	Peulh Djeuss	M29
	GoMM40	F	Médina Maka	G40		MaDP30	M	Diama Peulh	M30
	GoDP41	M	Diama Peulh	G41		MaPD32	M	Peulh Djeuss	M32
	GoDP42	M	Diama Peulh	G42		MaPD33	M	Peulh Djeuss	M33
	GoDP43	M	Diama Peulh	G43		MaPD34	M	Peulh Djeuss	M34

Annexes

	GoDP44	M	Diama Peulh	G44		MaPD35	M	Peulh Djeuss	M35
	GoDP45	M	Diama Peulh	G45		MaPD36	M	Peulh Djeuss	M36
Djakoré	DjKO01	F	Koutal Ouolof	D01	N'Dama	NdGp02	F	Gadapara	N02
	DjKO02	F	Koutal Ouolof	D02		NdGp03	F	Gadapara	N03
	DjKO03	F	Koutal Ouolof	D03		NdGp05	M	Gadapara	N05
	DjKO04	F	Koutal Ouolof	D04		NdGp06	M	Gadapara	N06
	DjKO05	M	Koutal Ouolof	D05		NdGp07	M	Gadapara	N07
	DjKO06	F	Koutal Ouolof	D06		NdGp08	F	Gadapara	N08
	DjKO07	F	Koutal Ouolof	D07		NdGp09	F	Gadapara	N09
	DjKO08	F	Koutal Ouolof	D08		NdGp11	F	Gadapara	N11
	DjKO09	M	Koutal Ouolof	D09		NdCR15	F	Cité Régionale	N15
	DjKO10	F	Koutal Ouolof	D10		NdCR17	F	Cité Régionale	N17
	DjKO11	F	Koutal Ouolof	D11		NdCR18	F	Cité Régionale	N18
	DjKO12	F	Koutal Ouolof	D12		NdCK20	F	CRZ de Kolda	N20
	DjKO13	M	Koutal Ouolof	D13		NdCK21	F	CRZ de Kolda	N21
	DjKO14	M	Koutal Ouolof	D14		NdCK23	M	CRZ de Kolda	N23
	DjKO15	M	Koutal Ouolof	D15		NdCK24	F	CRZ de Kolda	N24
	DjKO16	F	Koutal Ouolof	D16		NdCK28	F	CRZ de Kolda	N28
	DjKO17	F	Koutal Ouolof	D17		NdCK29	F	CRZ de Kolda	N29
	DjKO18	F	Koutal Ouolof	D18		NdCK30	M	CRZ de Kolda	N30
	DjKO19	F	Koutal Ouolof	D19		NdCK31	M	CRZ de Kolda	N31
	DjKO21	F	Koutal Ouolof	D21		NdCK32	M	CRZ de Kolda	N32
	DjNf22	F	Ndiaffate	D22		NdMB34	F	Marawata Baya	N34
	DjNf23	F	Ndiaffate	D23		NdMB35	F	Marawata Baya	N35
	DjNf24	F	Ndiaffate	D24		NdMB37	F	Marawata Baya	N37
	DjSb25	F	Sibassor	D25		NdMB38	M	Marawata Baya	N38
	DjSb26	M	Sibassor	D26		NdMB39	M	Marawata Baya	N39
	DjKb27	F	Kabatoki	D27		NdVd40	F	Veliyadembel	N40
	DjKb28	F	Kabatoki	D28		NdVd41	F	Veliyadembel	N41
	DjKb29	F	Kabatoki	D29		NdVd42	F	Veliyadembel	N42
	DjKb30	F	Kabatoki	D30		NdVd43	M	Veliyadembel	N43
	DjKb31	F	Kabatoki	D31		NdVd44	F	Veliyadembel	N44

Annexe 4: Exemples de fiches des PCR Li-Cor des plaques 1 et 2

PCR LICOR	BV Plaque 1	Thermocycleur: BIOMETRA®	Date: 19/02/14
	x 1 échantillon	échantillons testés (µl)	
	1	106	Nom des amorces
H2O (eau MilliQ)	7,51	796,06	
TP (10X)	1,6	169,6	
dNTP (2,5mM)	1,6	169,6	
MgCL2 (25mM)	0,8	84,8	
AMFM13 (10µM)	0,2	21,2	HET225FM
AMR (10µM)	0,3	31,8	HETH225R
Taq (5U/µl)	0,1	10,6	
M13 (700)	0,3	31,8	
Total Mix	12,5		
ADN matrice	2,5		
Volume réactionnel	15		

PCR LICOR	BV Plaque 2	Thermocycleur: BIOMETRA®	Date: 20/02/14
	x 1 échantillon	échantillons testés (µl)	
	1	40	Nom des amorces
H2O (eau MilliQ)	7,51	300,4	
TP (10X)	1,6	64	
dNTP (2,5mM)	1,6	64	
MgCL2 (25mM)	0,8	32	
AMFM13 (10µM)	0,2	8	INRA063FM
AMR (10µM)	0,3	12	INRA063R
Taq (5U/µl)	0,1	4	
M13 (700)	0,3	12	
Total Mix	12		
ADN matrice	2,5		
Volume réactionnel	15		

Annexe 5 : Mise au point des marqueurs microsatellites par PCR Froide et révélation des produits PCR

L'amplification de l'ADN par PCR froide a pour but d'optimiser les conditions spécifiques pour chaque marqueur microsatellite en agissant sur les propriétés de différents facteurs, tels que la température d'hybridation, les ions MgCl₂, et l'ADN matrice. Elle utilise des amorces spécifiques (Forward et Reverse) des marqueurs microsatellites dont les solutions de travail (à 10µM) sont obtenues par dilution des solutions mères à 100 µM. Parmi les 12 marqueurs microsatellites sélectionnés, seuls ETH152 et BM2113 ont été optimisés avec quelques-uns de nos échantillons, étant donné que les autres ont été déjà testés au niveau du laboratoire de génotypage du CIRDES avec d'autres races bovines africaines (zébu et taurin). Les PCR froides ont été effectuées dans un volume réactionnel de 15 µl pour 1 échantillon (µl), contenant 2,5 µl d'ADN concentré et 12,5 µl de total mix. Le mix était composé de 7,81 µl de H₂O, 1,6 µl de Tampon (10X), 1,6 µl de dNTP (2,5 mM), 0,8 µl de MgCl₂ (25mM), 0,2 µl de primer F (10µM), 0,3 µl de primer R (10 µM) et 0,1 µl de Taq polymérase (5U/ µl).

Les réactions d'amplification ont été accomplies dans un thermocycleur de type BIOMETRA® TGradient (Version 4.20 gr, Model No.1912460, Whatman) en fonction des conditions suivantes : une dénaturation initiale à 94°C pendant 3 min, suivie de 34 cycles de dénaturation à 94°C pendant 30 sec, de 30 sec d'hybridation à 55°C, d'élongation à 72°C pendant 45 sec, suivie de 8 min d'élongation finale à 72°C, et enfin d'une hold qui conservait les produits PCR à 4°C à l'infini. Notons cependant, qu'à défaut de l'étape d'hybridation où la température varie en fonction du marqueur considéré, les autres étapes de l'amplification restent constantes. Les fiches de la PCR froide des marqueurs optimisés sont présentées ci-dessous.

Une fois les ADN amplifiés, la révélation des produits PCR est faite sur gel d'agarose à 2% par migration électrophorétique à 100 volts pendant 35 minutes, suivie d'une visualisation du gel au BET sous les rayons UV pour détecter la présence de bandes amplifiés.

Annexe 5 (suite) : Mise au point des marqueurs microsatellites par PCR Froide et révélation des produits PCR

PCR FROIDE	Marqueur: ETH152	Thermocycleur: BIOMETRA®	
Date: 28/02/14			
	x 1 échantillon	échantillons testés (µl)	
	1	10	Nom des amorces
H2O (eau MilliQ)	7,81	78,1	
TP (10X)	1,6	16	
dNTP (2,5mM)	1,6	16	
MgCL2 (25mM)	0,8	8	
AMF (10µM)	0,2	2	ETH152F
AMR (10µM)	0,3	3	ETH152R
Taq (5U/µl)	0,1	1	
Total Mix	12,5		
ADN matrice	2,5		
Volume réactionnel	15		

PCR FROIDE	Marqueur: BM2113	Thermocycleur: BIOMETRA®	
Date: 28/02/14			
	x 1 échantillon	échantillons testés (µl)	
	1	10	Nom des amorces
H2O (eau MilliQ)	7,81	78,1	
TP (10X)	1,6	16	
dNTP (2,5mM)	1,6	16	
MgCL2 (25mM)	0,8	8	
AMF (10µM)	0,2	2	BM2113F
AMR (10µM)	0,3	3	BM2113R
Taq (5U/µl)	0,1	1	
Total Mix	12,5		
ADN matrice	2,5		
Volume réactionnel	15		

Annexe 6 : Constitution de plaques d'ADN

La constitution de plaques d'ADN est une étape essentielle pour passer aux PCR Li-Cor. Elle consiste à mettre les échantillons (extraits d'ADN) à amplifier dans des plaques d'ADN à 96 puits. Le nombre de plaques à utiliser est en fonction du nombre d'échantillons disponibles. Dans notre étude, nous disposions de 120 échantillons répartis en 2 plaques, 88 pour la plaque 1 et 32 pour la plaque 2. Cette répartition a été faite selon la population, c'est-à-dire, que les échantillons d'une même population se suivaient. Ainsi, la première plaque (Plaque 1) est composée de 22 échantillons de chacune des populations et la deuxième plaque (Plaque 2), 8 échantillons de chacune. Au niveau des plaques, le premier puits, le 49^{ième} et celui qui faisait suite aux trois contrôles étaient réservés au marqueur de taille interne, le marqueur de Ronan (voir fiche de plaques d'ADN).

La distribution des échantillons sur les plaques est réalisée suivant un plan et un codage génétique des échantillons qui s'appliquaient des PCR Li-Cor aux réarrangements. La figure ci-dessous présente le plan de constitution des plaques avec certains éléments illustratifs comme le nom du projet de recherche, l'utilisateur, le nom de plaque et la date de constitution.

Fiche de plaques d'ADN.

Projet : FIS

Date : 12/02/14

Utilisateur : NDIAYE

Nom de plaque : Plaque 1

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	MR ₁	G01	G02	G03	G04	G05	MR ₂	D04	D05	D06	D07	D08
B	G06	G07	G08	G14	G19	G20	D09	D10	D11	D12	D13	D14
C	G21	G23	G25	G27	G28	G30	D15	D16	D17	D18	D19	D21
D	G31	G32	G34	G35	G37	M01	D22	D23	N02	N03	N05	N06
E	M02	M03	M04	M06	M07	M08	N07	N08	N09	N15	N11	N17
F	M09	M11	M12	M13	M14	M15	N18	N20	N21	N23	N24	N29
G	M16	M17	M19	M20	M21	M22	N30	N31	N32	N34	N35	M36
H	M23	M24	M27	D01	D02	D03	CP ₁	CP ₂	T ⁻	MR ₃		

Nom de plaque : Plaque 2

Date : 15/02/14

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	MR ₁	G38	G39	G40	G41	G42						
B	G43	G44	G45	M28	M29	M30						
C	M32	M33	M34	M35	N28	D24						
D	D25	D26	D27	D28	D29	D30						
E	D31	N37	N38	N39	N40	N41						
F	N42	N43	N44	CP ₁	CP ₂	T ⁻						
G	MR ₂											
H												

MR= marqueur de Ronan ; G= zébu Gobra ; M= zébu Maure ; D= race Djakoré et N= N'Dama ; CP= contrôle positif, T⁻= contrôle négatif.

Annexe 7 : Réarrangement des plaques de la PCR Li-Cor

Le réarrangement des plaques consiste à faire du multiplexage ou mélange de deux ou plusieurs marqueurs microsatellites (de couleurs et/ou de tailles différentes) amplifiés par PCR Li-Cor, les uns avec le Dye 700 et les autres avec le Dye 800 afin de les migrer ensemble dans un même gel sur le séquenceur. Les réarrangements ont été faits suivant le même plan de plaque que celui des PCR Li-Cor. C'est une étape qui s'est réalisée à l'abri de la lumière car les produits PCR Li-Cor, le marqueur de taille interne et les desmilings contiennent des dyes photosensibles.

Les réarrangements ont requis les produits PCR Li-Cor, les desmilings⁵ 700 (dyes fluorescents de taille variant entre 71 et 367 pb), le marqueur de Ronan, une solution de bleu urée et de l'eau ultra pure. Ils ont été faits en simplex pour tous les marqueurs avec des desmilings 700 uniquement. Lors des réarrangements, deux desmilings des tailles attendues minimale et maximale sont utilisés pour encadrer le marqueur ciblé. La taille des desmilings utilisés variait en fonction de l'intervalle dans lequel se situaient les tailles alléliques attendues du marqueur donné. Par exemple, les tailles attendues des allèles du marqueur BM2113 se situent entre 122-156 (pb), donc deux desmilings 700 (71-198) sont choisis pour encadrer ce marqueur.

Chaque plaque de réarrangement est identifiée par un nom composé des éléments suivants : année, mois, jour-espèce génotypée, nom du projet de recherche-le numéro de plaque - numéro du réarrangement. Exemple d'un réarrangement de la plaque 1 avec le marqueur MM12: **140317-Bovins FIS-Plaq1-Rea8** et de la plaque 2 avec HEL9: **140411-Bovins FIS-Plaq2-Rea4**. Les réarrangements ont été réalisés dans un volume réactionnel de 22 µl pour tous les marqueurs amplifiés en 700, contenant 6 µl de H₂O, 14 µl d'une solution de bleu urée contenant les desmilings 700 (constituée de 1,8 ml de bleu urée + 12 µl de chaque desmiling 700 pour une plaque de 96 puits) et 2 µl de produits PCR Li-Cor 700. Les plaques ont été par la suite soumises à une courte centrifugation avant de passer au dépôt des échantillons sur le rack (bac à 96 puits).

⁵ Un desmiling est une bande d'ADN d'une taille donnée obtenue à partir de l'amplification d'une séquence d'ADN (Puc 19) avec un couple d'amorces donné avec un dye donné.

Annexe 8 : Migration des produits amplifiés sur le séquenceur Li-Cor

Elle consiste à faire migrer les produits amplifiés sur un gel dénaturant d'acrylamide-urée à 6,5% monté sur le séquenceur Li-Cor® (DNA Analyser Modèle 4300) en suivant les procédures du fabricant. C'est une migration électrophorétique verticale qui permet de distinguer les allèles en fonction de leur taille (les allèles de grande taille migrent plus lentement par rapport à ceux de petite taille). Cependant, avant de passer sur le séquenceur Li-Cor pour la migration, les produits PCR Li-Cor sont d'abord mixés avec la solution de bleu urée contenant les desmilings 700 et dénaturés sur la plaque chauffante à 94°C pendant 4 minutes ainsi que le marqueur de taille interne. Par la suite, 1,3 µl de chaque échantillon en plus du marqueur de de taille interne est déposé sur le rack sous glace. Après le dépôt, les échantillons sont aspirés par capillarité sur un peigne membrane. Le peigne chargé d'échantillons est ainsi introduit dans le gel. La migration s'est tenue à haut voltage (1500 V) pendant 1 h 30 minutes.

La détection des allèles pour cette génotypage a été faite grâce au laser 700 et la visualisation des échantillons via l'interface Li-Cor. Cependant, dès 45 minutes de migration, les allèles sous forme de spots étaient déjà visibles sur l'image du gel. Par conséquent, les desmilings encadrant les échantillons pouvaient eux aussi être distingués. Les images des gels sont enregistrées automatiquement sur le séquenceur et pouvaient ainsi être transférés sur le logiciel d'analyse de profils de migration.

Annexe 9: Distribution des fréquences alléliques des 11 loci microsatellites sur l'ensemble des 4 populations bovines

Locus	Allèles	Fréquences sans allèles nuls	Fréquences avec allèles nuls
BM1818, N= 89	274	0,039	0,034
	276	0,044	0,046
	278	0,123	0,132
	280	0,264	0,288
	282	0,129	0,119
	284	0,050	0,046
	286	0,162	0,172
	288	0,005	0,005
	290	0,174	0,178
	292	0,005	0,005
BM2113, N= 85	140	0,082	0,072
	146	0,029	0,023
	148	0,200	0,214
	152	0,100	0,097
	154	0,170	0,144
	156	0,123	0,097
	158	0,229	0,185
	160	0,052	0,041
	164	0,011	0,011
ETH10, N= 94	225	0,250	0,232
	227	0,133	0,123
	229	0,085	0,071
	233	0,079	0,071
	235	0,011	0,094
	237	0,297	0,275
	239	0,021	0,021
	241	0,021	0,021
ETH152, N= 96	198	0,114	0,110
	202	0,104	0,104
	204	0,005	0,005
	210	0,328	0,330
	214	0,286	0,263
	216	0,119	0,104
	220	0,031	0,031
	222	0,005	0,005
	224	0,005	0,005
ETH225, N= 89	158	0,146	0,151
	162	0,056	0,051
	164	0,241	0,219
	166	0,073	0,063
	170	0,061	0,063
	174	0,415	0,370
	176	0,005	0,005

HEL1, N= 102	121	0,107	0,103
	123	0,235	0,233
	125	0,147	0,142
	127	0,132	0,125
	129	0,181	0,177
	131	0,142	0,148
	133	0,014	0,014
	135	0,004	0,004
	137	0,004	0,004
	139	0,019	0,019
	141	0,009	0,009
HEL9, N= 102	164	0,009	0,009
	166	0,044	0,040
	168	0,014	0,014
	170	0,014	0,014
	172	0,147	0,136
	174	0,161	0,165
	176	0,112	0,103
	178	0,009	0,009
	180	0,009	0,009
	182	0,152	0,153
	184	0,102	0,092
	186	0,191	0,183
	188	0,024	0,024
	190	0,004	0,004
INRA063, N= 92	194	0,005	0,005
	196	0,260	0,226
	200	0,065	0,065
	202	0,559	0,450
	204	0,097	0,082
	206	0,010	0,005
INRA037, N= 74	132	0,006	0,006
	134	0,020	0,013
	136	0,006	0,006
	138	0,006	0,006
	140	0,006	0,006
	142	0,155	0,129
	144	0,229	0,236
	146	0,081	0,084
	148	0,310	0,282
	150	0,148	0,145
	152	0,020	0,020
	154	0,006	0,006
MM12, N= 90	119	0,038	0,039
	125	0,038	0,039
	133	0,044	0,045
	135	0,027	0,028
	137	0,355	0,341
	139	0,283	0,285
	141	0,027	0,028
	143	0,038	0,039
	145	0,016	0,016

	149	0,011	0,011
	151	0,027	0,028
	153	0,005	0,005
	157	0,083	0,087
TGLA53, N= 58	172	0,017	0,008
	174	0,008	0,008
	178	0,293	0,266
	180	0,034	0,034
	182	0,051	0,043
	184	0,103	0,089
	186	0,034	0,034
	188	0,043	0,034
	190	0,077	0,061
	192	0,051	0,052
	194	0,025	0,026
	196	0,008	0,008
	198	0,017	0,017
	200	0,077	0,080
	202	0,146	0,137
	204	0,008	0,008

N= nombres d'individus typés par locus ; en gras : allèles présentant la fréquence la plus élevée pour chaque marqueur microsatellite parmi les populations bovines.

Annexe 10: Détection de migrants de première génération par la méthode des fréquences alléliques de Paetkeau *et al.* (1995)

Individus assignés	Sexe	Population de référence	Population source	Nombre de loci	-Log10(L)
DjKb28	F	Djakoré	Zébu Gobra	11	18,086
DjKb29	F	Djakoré	Zébu Maure	10	16,297
DjKb30	F	Djakoré	Zébu Gobra	10	14,890
DjKO02	F	Djakoré	Zébu Maure	6	10,633
DjKO05	M	Djakoré	Zébu Gobra	11	15,296
DjKO08	F	Djakoré	Zébu Gobra	11	15,264
DjKO09	M	Djakoré	Zébu Maure	9	10,142
DjKO14	M	Djakoré	Zébu Gobra	9	13,130
DjKO15	M	Djakoré	N'Dama	1	1,139
DjKO16	F	Djakoré	Zébu Gobra	11	13,951
DjKO17	F	Djakoré	Zébu Gobra	10	15,444
DjKO18	F	Djakoré	Zébu Maure	9	9,947
DjNf22	F	Djakoré	Zébu Gobra	11	14,178
DjNf24	F	Djakoré	Zébu Gobra	9	10,115
DjSb26	M	Djakoré	Zébu Maure	11	17,139
GoDP44	M	Zébu Gobra	Djakoré	9	11,244
GoDP45	M	Zébu Gobra	Djakoré	10	15,525
GoKO21	M	Zébu Gobra	Djakoré	5	6,601
GoKO25	F	Zébu Gobra	Zébu Maure	6	12,750
GoKO27	F	Zébu Gobra	Zébu Maure	10	11,702
GoKO30	F	Zébu Gobra	Djakoré	5	5,122
GoMM40	F	Zébu Gobra	Djakoré	10	13,332
GoNb01	M	Zébu Gobra	Djakoré	8	8,949
GoNb03	F	Zébu Gobra	Zébu Maure	9	14,383
GoNb04	F	Zébu Gobra	Zébu Maure	10	14,097
GoPD31	F	Zébu Gobra	Zébu Maure	8	11,128
GoPD32	F	Zébu Gobra	Zébu Maure	6	5,482
GoPD37	F	Zébu Gobra	Djakoré	8	8,842
GoPD39	F	Zébu Gobra	Zébu Maure	11	15,308
GoWd05	M	Zébu Gobra	Djakoré	4	6,183
GoWd07	F	Zébu Gobra	Zébu Maure	8	10,392
GoWd08	F	Zébu Gobra	Djakoré	2	2,703
MaKO02	F	Zébu Maure	Zébu Gobra	10	14,445
MaNf04	M	Zébu Maure	Zébu Gobra	9	10,222
MaNg20	F	Zébu Maure	N'Dama	5	5,261
MaNg21	F	Zébu Maure	N'Dama	8	9,926
MaNg22	F	Zébu Maure	Djakoré	4	5,408
MaNg23	F	Zébu Maure	Djakoré	9	11,610
MaPD28	M	Zébu Maure	Zébu Gobra	11	17,600
MaDP30	M	Zébu Maure	Djakoré	11	14,843
MaPD32	M	Zébu Maure	Djakoré	9	9,399
MaPD33	M	Zébu Maure	Djakoré	8	10,335
MaPD35	M	Zébu Maure	Zébu Gobra	11	12,813
MaTS06	F	Zébu Maure	Zébu Gobra	5	6,619
MaTS09	F	Zébu Maure	Djakoré	4	5,318
MaTS15	F	Zébu Maure	Djakoré	11	13,217
MaWd01	F	Zébu Maure	Zébu Gobra	9	10,715
NdGp05	M	N'Dama	Zébu Maure	5	6,068
NdMb35	F	N'Dama	Zébu Gobra	4	4,192
NdVd44	F	N'Dama	Djakoré	10	14,440

50 individus (42,37%) ont été assignés au seuil de 5%; Sexe : M=Mâle, F= Femelle.

Annexe 11: Premières pages des publications

Phenotypical Characterization of Senegalese Local Cattle Breeds Using Multivariate Analysis

^{1,2}Ndiaye Ndeye Penda, ²Sow Adama, ⁴Ndiaye Saliou, ^{1,3}Sembene Mbacke and ²Sawadogo Germain Jerome

¹Departement de Biologie Animale, Faculte des Sciences et Techniques, Universite Cheikh Anta Diop de Dakar (UCAD), BP 5005 Dakar, Senegal

²Laboratoire d'endocrinologie et de Radio-Immunologie, Ecole Inter-Etats des Sciences et Medecine Veterinaires (EISMV), BP 5077 Dakar Fann, Senegal

³Laboratoire de Biologie des Populations Animales Sahelo-Soudaniennes, CBGP, Institut de Recherche pour le Developpement (IRD), Bel Air, BP 1386 Dakar, Senegal

⁴Ecole Nationale Superieure d'Agriculture (ENSA), Universite de Thies, BP A 296 Thies RP, Senegal

Abstract: In order to discriminate local Senegalese cattle breeds, a survey was conducted in three agroecological areas of Senegal (South of "Bassin Arachidier", Senegal River Valley, Middle and Upper Casamance). One hundred and twenty six cattle have been described by visual assessment criteria and 75 cows based on dairy performances. These parameters were analyzed by discriminant factor and multiple correspondence factor analysis. The cows were distinguished at best by their format, coat colour and average milk production. They were distributed in 4 genetic types with percentage of cows well classified in order: N'Dama (100%), Djakore (100%), Maure (95%) and Gobra (94.12%). The typology by classification has permitted to divide them in three genotypes identifying in two phenotype groups. The first phenotype is characterized by the presence of thoracic hump and a unique coat colour. Their average daily milk production varied between 2 and 4 L even >4 L. The second phenotype is identified by the absence of hump and a compound coat colour. Their average milk production is <2 L day⁻¹. The first phenotype associating a large size with a good milk production should be most suitable for dairy production in these agroecological areas of Senegal.

Key words: Cattle, phenotypical characterization, multivariate analysis, milk production, Senegal

INTRODUCTION

Livestock plays an important socio-economic role in Senegal and the national annual milk production is estimated at 180 million L. However, this production is still below the government expectation which is approximately 400 million L per year.

In order to achieve food self-sufficiency many programmes had been developed for the improvement of dairy production through bovine artificial insemination in the region "Bassin Arachidier" and the pastoral zone, the Niayes' area and Upper Casamance region. The artificial insemination campaigns implemented throughout the country in the view of improving local dairy potential resulted in uncontrolled genetic crossings between local and exotic cattle breeds, generating more crossbreeds. Presently, these crossbreeds resulting from the artificial insemination are widespread throughout the country so

much that the genetic structure of local cattle breeds appears very confused. Furthermore, the livestock breeders in the transition area between the zebu Gobra and taurine N'Dama had a trend to crossbreed intensely their small sized taurine cattle with by zebu cattle with bigger size. According to the producer, big sized cattle are more suitable for meat production and draught power. This uncontrolled crossbreeding promoted introgression of trypanosomosis sensitive genes in zebu cattle in the genetic pool of local trypanotolerant taurine breeds. Consequently, the loss of such biological specificity in a breeding area heavily infested by tsetse flies affects livestock productivity. Especially, if the implicated effectives are weak, uncontrolled spread of exotic and local genes can dilute in terms the germplasm of these indigenous breeds which will affect not only their conformation but also the biodiversity conservation of local bovine species.

Corresponding Author: Ndiaye Ndeye Penda, Departement de Biologie Animale, Faculte des Sciences et Techniques, Universite Cheikh Anta Diop de Dakar (UCAD), BP 5005 Dakar, Senegal



Research Article

Bottleneck and molecular variance analyses in Senegalese local cattle breeds using microsatellite markers

Ndèye Penda Ndiaye^{1,2*}, Adama Sow², Saliou Ndiaye³, Germain Jérôme Sawadogo² and Mbacké Sembène^{1,4}

¹Département de Biologie Animale, Faculté des Sciences et Techniques, Université Cheikh Anta Diop de Dakar (UCAD), BP 5005 Dakar Fann- Sénégal; ²Laboratoire d'endocrinologie et de radio-immunologie, Ecole Inter – Etats des Sciences et Médecine Vétérinaires (EISMV), BP 5077 Dakar Fann- Sénégal; ³Ecole Nationale Supérieure d'Agriculture (ENSA), Université de Thiès, BP A 296 Thiès RP, Sénégal; ⁴Laboratoire de Biologie des Populations Animales Sahélo-Soudaniennes, CBGP, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Bel Air, BP 1386 Dakar-Sénégal

Article history

Received: 13 Mar, 2015

Revised: 1 Apr, 2015

Accepted: 3 Apr, 2015

Abstract

The native Senegalese cattle were extensively used for crossbreeding purposes and breed development, which are assumed to improve livelihood of the most rural populations. This study was conducted in 4 native cattle breeds (Gobra zebu, Maure zebu, Djakoré and N'Dama) to assess the current genetic variation at molecular levels by using AMOVA tests and Bottleneck analysis. A total of 120 unrelated samples were collected from breeds reared in three agro-ecological areas of Senegal. In this study, 11 specific highly polymorphic microsatellite makers recommended by Food and Agriculture Organization (FAO) were used for animals genotyping. The basic measures of within breed variation and genetic differentiation were computed using bioinformatics' software. All loci were polymorphic with a mean Polymorphic Information Content (PIC) of 0.76. The mean allelic richness per loci was 6.08. In average, high levels of heterozygosity was observed with a mean H_D and H_E of 0.71 and 0.79, respectively. The mean estimates of F_{IS} over all loci were 0.073 indicating a significant heterozygosity deficiency relatively due to inbreeding among the cattle breeds or the occurrence of population substructure. Analysis of molecular variance (AMOVA) revealed that 4.76% of the total genetic variation was due to differences between populations ($P < 0.001$), while the remaining 88.24% corresponded to differences within individuals ($P < 0.001$). The qualitative test of mode shift analysis supported the conservative SMM model which indicated absence of genetic bottleneck in the recent past in Senegalese cattle populations. It was concluded from the current study of microsatellite markers that Senegalese local cattle populations was characterized by high level of genetic diversity and moderate genetic differentiation.

Keywords: AMOVA; Bottleneck; cattle; microsatellite markers; Senegal

To cite this article: Ndiaye NP, A Sow, S Ndiaye, GJ Sawadogo and M Sembène, 2015. Bottleneck and molecular variance analyses in Senegalese local cattle breeds using microsatellite markers. *Res. Opin. Anim. Vet. Sci.*, 5(4): 158-164.

Introduction

During the last decades, development of and increased focus on more efficient selection programs

has accelerated genetic improvement in a number of breeds. Artificial insemination has facilitated the dissemination of genetic material (Groeneveld et al., 2010). As a result, highly productive breeds tend to

***Corresponding author:** Ndèye Penda Ndiaye, Département de Biologie Animale, Faculté des Sciences et Techniques, Université Cheikh Anta Diop de Dakar (UCAD), BP 5005 Dakar Fann- Sénégal; Email: ndiaye.ndeyependa@gmail.com; Tel: 00 (221) 77 325 32 64

Genetic diversity and phylogenetic relationships in local cattle breeds of Senegal based on autosomal microsatellite markers

Ndèye Penda Ndiaye¹, Adama Sow², Guiguigbaza-Kossigan Dayo³, Saliou Ndiaye⁴, Germain Jérôme Sawadogo⁵ and Mbacké Sembène⁶

1. Department of Animal Biology, FST (UCAD), Dakar Fann-PO 5005, Laboratory of Endocrinology and Radio-immunology, EISMV, Dakar Fann-PO 5077, Senegal; 2. Laboratory of Endocrinology and Radio-immunology, EISMV, Dakar Fann-PO 5077, Senegal; 3. CIRDES, Bobo Dioulasso 01-PO 454, Burkina Faso; 4. ENSA, University of Thiès, Thiès RP-PO A 296; 5. Laboratory of Endocrinology and Radio-immunology, EISMV, Dakar Fann-PO 5077, Senegal; 6. Department of Animal Biology, FST (UCAD), Dakar Fann-PO 5005, Laboratory CBGP, IRD, Dakar Bel Air- PO 1386, Senegal.

Corresponding author: Ndèye Penda Ndiaye, e-mail: ndeye1.ndiaye@ucad.edu.sn, AS: wosamada@yahoo.fr, GKD: charlesdayo@yahoo.fr, SN: drsaliou@gmail.com, GJS: gemgemswadogo@yahoo.fr, MS: mbacke.sembene@ird.fr

Received: 27-03-2015, **Revised:** 09-07-2015, **Accepted:** 20-07-2015, **Published online:** 18-08-2015

doi: 10.14202/vetworld.2015.994-1005 **How to cite this article:** Ndiaye NP, Sow A, Dayo GK, Ndiaye S, Sawadogo GJ, Sembène M (2015) Genetic diversity and phylogenetic relationships in local cattle breeds of Senegal based on autosomal microsatellite markers, *Veterinary World* 8(8): 994-1005.

Abstract

Aim: In Senegal, uncontrolled cross-breeding of cattle breeds and changes in production systems are assumed to lead to an increase of gene flow between populations. This might constitute a relevant threat to livestock improvement. Therewith, this study was carried out to assess the current genetic diversity and the phylogenetic relationships of the four native Senegalese cattle breeds (Gobra zebu, Maure zebu, Djakoré, and N'Dama).

Methods: Genomic DNA was isolated from blood samples of 120 unrelated animals collected from three agro-ecological areas of Senegal according to their phenotypic traits. Genotyping was done using 11 specific highly polymorphic microsatellite makers recommended by Food and Agriculture Organization. The basic measures of genetic variation and phylogenetic trees were computed using bioinformatics' software.

Results: A total of 115 alleles were identified with a number of alleles (Na) at one locus ranging from 6 to 16. All loci were polymorphic with a mean polymorphic information content of 0.76. The mean allelic richness (Rs) lay within the narrow range of 5.14 in N'Dama taurine to 6.10 in Gobra zebu. While, the expected heterozygosity (H_e) per breed was high in general with an overall mean of 0.76 ± 0.04 . Generally, the heterozygote deficiency (F_{is}) of 0.073 ± 0.026 was relatively due to inbreeding among these cattle breeds or the occurrence of population substructure. The high values of allelic and genetic diversity showed that Senegalese native cattle breeds represented an important reservoir of genetic variation. The genetic distances and clustering trees concluded that the N'Dama cattle were most distinct among the investigated cattle populations. So, the principal component analyses showed qualitatively that there was an intensive genetic admixture between the Gobra zebu and Maure zebu breeds.

Conclusions: The broad genetic diversity in Senegalese cattle breeds will allow for greater opportunities for improvement of productivity and adaptation relative to global changes. For the development of sustainable breeding and crossbreeding programs of Senegalese local breeds, effective management is needed towards genetic selection and transhumance to ensure their long-term survival.

Keywords: cattle, genetic diversity, microsatellite markers, phylogenetic analysis, Senegal.

Introduction

Senegal is an oceanic country, located in West African continent. Longtime practiced of breeding, livestock keeping represents an important source of livelihood for 3.5 million of people, and contributes to 35% of primary sector gross domestic product (GDP) and 7% of national GDP [1]. Cattle are part of the most important domestic livestock species for local communities. Four local cattle breeds have been distinguished namely: Gobra zebu, Maure zebu, Djakoré and N'Dama Taurine, which are found in different agro-ecological systems, from Sahel to Soudano-Guinea climate. The Gobra zebu was introduced to Senegal in the second half of the eighth century in the

Basin of Fouta Toro [2]. Whereas, the Maure zebu commonly found in Mauritania, Mali, and the Niger loop, are bred along the Mauritania border, more precisely in the Senegal river valley [3]. The Djakoré cattle is medium sized compared to Gobra with a barely marked hump. Based on its phenotypic characteristics and geographical distribution, it is thought to result from natural crossings between Gobra zebu and N'Dama [4]. The Djakoré cattle are supposed to be partly trypanotolerant (tolerant to trypanosomes, due to *Trypanosoma* sp.) and are spread in the central part of the country, more or less infested with tsetse flies [5]. They are used in as traction power to plow crop farms plugging [6]. The N'Dama taurine also known as "West African Longhorn," originated from Fouta Djallon (Guinea) [7]. N'Dama cattle are a very rustic and trypanotolerant [8]. There are bred in the southern part which is infested by tsetse flies [9].

Copyright: The authors. This article is an open access article licensed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/2.0>) which permits unrestricted use, distribution and reproduction in any medium, provided the work is properly cited.

Thèse de Doctorat, Spécialité : Génétique des Populations

Nom et prénoms : NDIAYE Ndèye Penda

**Titre de la Thèse : Evaluation de la diversité et de la structure génétique des races bovines locales
(*Artiodactyla : Bovidae*) du Sénégal**

Date de soutenance : le 23 Décembre 2015

Résumé :

Au Sénégal, les croisements génétiques indiscriminés et les changements de systèmes de production ont conduit à une augmentation du flux de gènes entre populations rendant confuse la structure génétique du cheptel bovin local. Cette étude visait à évaluer la diversité et la structure génétique des populations bovines locales du Sénégal par caractérisation phénotypique et moléculaire. L'étude a été réalisée dans trois zones agro-écologiques du Sénégal. Divers caractères phénotypiques ont été comparés grâce à des analyses multivariées. La structure génétique des populations échantillonnées a été étudiée à partir de l'ADN obtenu du sang total. L'unité d'échantillonnage a été la race.

La typologie par la classification des vaches a permis de distinguer deux groupes phénotypiques. Les animaux du groupe phénotypique I sont caractérisés par la présence d'une bosse thoracique de taille et de forme variables, une couleur unique de la robe et assez bonne production laitière variant entre 2 et 4 litres de lait par jour voire supérieure à 4 litres. Les animaux du groupe phénotypique II se distinguent par l'absence de bosse, des couleurs composées de la robe et une faible production laitière qui est inférieure à 2 litres de lait par jour.

Le caractère polymorphique des loci microsatellites a permis de mettre en évidence les indices basiques de la diversité génétique, dont les valeurs élevées montrent une importante variabilité génétique chez les populations bovines locales. L'analyse bayésienne révèle qu'au niveau moléculaire les populations locales du Sénégal sont constituées par 3 génotypes, représentés respectivement par le génotype N'Dama, le génotype "hybride" Djakoré et le génotype zébu. Selon la composition génotypique de chacune de ces populations, il ressort de cette étude génétique que N'Dama est une race "pure" qui commence à être affectée par l'introgession génétique. Djakoré, quant à elle, est une population "hybride" stabilisée. Les populations zébu Gobra et zébu Maure pourraient devenir une seule race au niveau moléculaire.

La structuration observée chez les populations bovines locales pourrait être un facteur important pour l'amélioration de la productivité et l'adaptation face aux changements globaux.

Mots clés : Bovins, caractères phénotypiques, diversité, loci microsatellites, structure génétique, Sénégal.

PhD, Speciality: Population Genetics

Name and first name: NDIAYE Ndèye Penda

**Thesis title: Assessment of diversity and genetic structure in local cattle breeds (*Artiodactyla: Bovidae*)
of Senegal**

Defense date: 23rd December 2015

Summary:

In Senegal, uncontrolled crossbreeding and changes in production systems lead to an increase of gene flow between populations making it confused the genetic structure of local cattle breeds. This study aimed to assess diversity and genetic structure in local cattle breeds of Senegal by phenotypic and molecular characterization. The study was conducted in three agro-ecological areas of Senegal. Various phenotypic traits were compared using multivariate analyses. The genetic structure of sampled populations was inferred from DNA obtained from whole blood. The sampling unit was the breed.

The typology by classification of cows distinguished two phenotype groups. Animals of phenotypic group I are characterized by the presence of thoracic hump with various size and shape, a unique coat color and a fairly good milk production varied between 2 and 4 L per day even more than 4 L. The phenotype group II is identified by the absence of hump, a compound coat colors and a low milk production less than 2 L per day.

The polymorphic character of microsatellite loci has allowed estimating the basic measures of genetic diversity whose high values showed an important genetic variability in local cattle populations. Bayesian analysis revealed that at molecular level, local populations in Senegal consisted of 3 genotypes, represented respectively by the N'Dama genotype, the Djakoré "hybride" genotype and zebu genotype. According to the genotypic composition of each of these populations, it brought out from this genetic study that N'dama is a "purebred" which begins to be affected by genetic introgression. Djakoré, meanwhile, is a stabilized "hybrid" population. Gobra zebu and Maure zebu populations could become a single breed at molecular level.

Structuring observed in local cattle populations could be an important factor for improving productivity and adaptation to global change.

Keywords: Cattle, diversity, genetic structure, microsatellite loci, phenotypic traits, Senegal.