

CARACTERISATION GENETIQUE DES RACES
BOVINES LOCALES DU SENEGAL
DETERMINATION DE LA PURETE GENIQUE

NOTE AUX LECTEURS

Ce document a été numérisé et mis en ligne par la Bibliothèque Centrale de l'Université Cheikh Anta DIOP de DAKAR



Bibliothèque Centrale UCAD

Site Web: www.bu.ucad.sn

Mail: bu@ucad.edu.sn

Tél: +221 33 824 69 81

BP 2006, Dakar Fann - Sénégal

CARACTERISATION GENETIQUE DES RACES BOVINES LOCALES DU SENEGAL : DETERMINATION DE LA PURETE GENIQUE

RESUME

La nécessité d'accroître le potentiel génétique des races locales de bovins du Sénégal afin de mieux développer les productions animales et de profiter au maximum de certaines caractéristiques telle que, par exemple, la trypanotolérance des races Ndama, nous a poussés à entreprendre cette étude de caractérisation génétique des trois principales races bovines du pays. En effet, la détermination de la pureté génique des trois races locales à savoir le Gobra, le Ndama et le Djakoré, issues de deux zones agroécologiques du pays que sont le bassin arachidier et la zone sylvo-pastorale, constitue le principal objectif de notre travail. Ainsi, grâce à l'ADN mitochondrial (ADNmt) avec son gène le cytochrome b, l'étude génétique a pu être menée et 22 haplotypes de ces races supposées soit pures ou soit métisses ont été décelés grâce au logiciel BioEdit. Et à partir de ces 22 haplotypes, une analyse génétique avec les logiciels Dnasp et Mega5 nous a édifiée sur la diversité génétique existant entre les différentes populations de bovins et leurs relations phylogénétiques. De ce fait, l'interprétation des résultats a prouvé que les 100% supposées races Gobra pures sont de véritables races pures alors que tous les Djakorés « pures » et une partie des Ndama « pures » ne le sont pas et que les Djakorés ont une origine maternelle Ndama.

Mots clés : races locales bovines (Gobra, Djakoré, Ndama) – ADNmt – cytochrome b – pureté génique - diversité génétique – relations phylogénétiques

GENETIC CHARACTERIZATION of the LOCAL BOVINE SPECIES OF SENEGAL: DETERMINATION OF THE GENIC PURITY

SUMMARY

The necessity of increasing the genetic potential of the local races of cattle of Senegal to develop better the animal productions and take advantage at most of certain characteristics such as, for example, the trypanotolerance of races Ndama, urged us to begin(undertake) this study of genetic characterization of three main bovine species of the country. Indeed, the determination of the genic purity of three local races to know Gobra, Ndama and Djakoré, stemming from two zones agroécologiques by the country that are the pond arachidier and the sylvo-pastoral zone, establish the main objective of our work. So, thanks to the mitochondrial DNA (mtDNA) with its gene the cytochrome b, the genetic study was able to be led and 22 haplotypes of these supposed or pure races or is half-bloods were revealed thanks to the software BioEdit. And from these haplotypes 22, a genetic analysis with the software Dnasp and Mega5 built us on the genetic diversity existing between the various populations of cattle and their phylogenetic relations.

Therefore, the interpretation of the results proved that the 100 % supposed pure race Gobra is real pure races while every "pure" Djakorés and a part of "pure" Ndama are not him and that Djakoré has a maternal origin Ndama.

Keywords: bovine local races (Gobra, Djakoré, Ndama) - ADNmt - cytochrome b - genic purity - genetic diversity - phylogenetic relations

LISTE DES SIGLES ET ABREVIATIONS

ADN : Acide Désoxyribonucléique

ADNmt : ADN mitochondrial

et al. : et *alli* (et autres)

ANDS : Agence Nationale de la Statistique et de la Démographie

BAD : Banque Africaine de Développement

CMH : Complexe Majeur d’Histocompatibilité

CRZ : Centre de Recherches Zootechniques

DIREL : Direction de l’Elevage

EDTA : Acide Ethylène Diamine-Tétra-Acétique

IA : Insémination Artificielle

MCD : Ministère de la Coopération et du Développement

PAPEL : Projet d’Appui à l’Elevage

PCR : Réaction de Polymérisation en Chaîne

PIB : Produit Intérieur Brut

LISTE DES FIGURES ET PHOTOS

<u>Figure 1:</u> Divisions administratives du Sénégal.....	3
<u>Photo 1:</u> zébu Gobra.....	7
<u>Photo 2:</u> Taurin Ndama à robe fauve.....	7
<u>Figure 2:</u> Systèmes d'élevage au Sénégal.....	9
<u>Figure 3:</u> Structure de l'ADNmt des mammifères.....	12
<u>Figure 4:</u> alignement des séquences du cytochrome b des races bovines locales.....	15
<u>Figure 5:</u> Histogramme des distances génétiques intra-raciales.....	18
<u>Figure 6:</u> Histogramme des distances génétiques inter-raciales	19
<u>Figure 7:</u> Arbre de Neighbor-joining avec bootstrap 500 retraçant les relations phylogénétiques entre les différentes races de bovins avec comme « out group » l'espèce <i>Bubalus bubalus</i> (D88635).....	20
<u>Figure 8:</u> Arbre du Maximum de vraisemblance avec bootstrap 500 retraçant les relations phylogénétiques entre les différentes races de bovins avec comme « out group » l'espèce <i>Bubalus bubalus</i> (D88635).....	21
<u>Figure 9:</u> Arbre du Maximum de parcimonie avec bootstrap 500 retraçant les relations phylogénétiques entre les différentes races de bovins avec comme « out group » l'espèce <i>Bubalus bubalus</i> (D88635).....	22

LISTE DES TABLEAUX

<u>TABLEAU 1</u> : Evolution de la population sénégalaise de 2003 à 2012.....	4
<u>TABLEAU 2</u> : Effectifs en nombre de têtes du cheptel par espèce en 2010.....	5
<u>TABLEAU 3</u> : Résumé des données sur les individus bovins échantillonnés.....	11
<u>TABLEAU 4</u> : Le polymorphisme génétique des races bovines.....	16
<u>TABLEAU 5</u> : diversité et différenciation génétique entre populations.....	17
<u>TABLEAU 6</u> : Distances génétiques intra et inter raciales des populations de bovins.....	18
<u>TABLEAU 7</u> : les pourcentages de transitions (en gras) et de transversions.....	19

SOMMAIRE

INTRODUCTION.....	1
CHAPITRE I : ETUDE BIBLIOGRAPHIQUE.....	3
I. PRESENTATION DU SENEGAL.....	3
I.1. SITUATION.....	3
I.2. POPULATION.....	4
I.3. RELIEF.....	4
I.4. CLIMAT.....	4
II. ELEVAGE AU SENEGAL	5
II.1. CHEPTTEL.....	5
II.2. LES NOTIONS DE RACE – RACE PURE EN ELEVAGE ET EN GENETIQUE.....	5
II.3 PRINCIPALES RACES DE BOVINS EXPLOITEES AU SENEGAL....	6
II.4. SYSTEMES D'ELEVAGE.....	8
CHAPITRE II: MATERIEL ET METHODES.....	10
I. ECHANTILLONNAGE.....	10
II. ETUDE GENETIQUE.....	12
II.1. L'ADN mitochondrial (ADNmt).....	12
II.2. Extraction d'ADN.....	13
II.3. L'amplification par PCR (réaction de polymérisation en chaîne).....	13
II.4. Séquençage du gène de cytochrome b.....	14
II.5. Analyses génétiques des données du séquençage.....	14

CHAPITRE III : RESULTATS ET DISCUSSION	15
I.RESULTATS	15
I.1. LES SEQUENCES ALIGNEES.....	15
I.2. La diversité génétique des populations de races bovines.....	15
I.2.1. La variabilité génétique.....	15
I.2.2. La diversité génétique entre les populations de bovins.....	16
I.2.3. les distances génétiques intra et inter raciales des populations de bovins.....	18
I.2.4. Les pourcentages de transitions et de transversions.....	19
I.3. LES RECONSTRUCTIONS PHYLOGENETIQUES.....	19
II. DISCUSSION	23
CONCLUSION	26
BIBLIOGRAPHIE	28

INTRODUCTION

Dans les pays en voie de développement, l'élevage représente l'un des piliers de l'économie nationale. Son importance tient à ses aspects économiques (commerce, épargne...), sociaux (hiérarchie, culture...) et alimentaires (consommation de lait, viande, œufs...). Cependant, malgré les efforts consentis à ce jour dans le secteur de l'élevage, l'Afrique continue de faire face à une insuffisance en protéines d'origine animale. L'une des causes principales de ce déficit alimentaire est la faible productivité du cheptel. En effet, les pays du Sud disposent de 70% du cheptel bovin et de buffles du monde mais ne produisent que 29% de la viande et 23% du lait (BANKOLE *et al.*, 1997). Pour accroître la productivité du cheptel, très tôt des programmes d'importation de race exotique ont été mis en place. Mais face au manque de rusticité de la plupart des races introduites, les races locales se positionnent de plus en plus comme des alternatives durables vers l'autosuffisance alimentaire. C'est ainsi que par exemple, sur l'échiquier régional, la grande rusticité de la race taurine Ndama est de plus en plus reconnue. Afin de développer ce secteur capital que constitue l'élevage, les Etats mettent en œuvre des programmes d'amélioration génétique au bénéfice des éleveurs pour un meilleur rendement de ces races locales. Dans ce cadre, la naissance de la génétique a beaucoup contribué à l'accroissement du potentiel génétique de ces animaux.

La génétique est la science qui a, sans nul doute, marqué le plus significativement la fin du 20^{ième} siècle à travers le développement des techniques de manipulations de l'ADN, principal élément de cette révolution génétique. Grâce à elle, les mécanismes de la transmission des caractères héréditaires ont pu être expliqués à partir des résultats des travaux de Gregor Mendel, père de la génétique, publiés en 1866 (CLOUTIER et NAULT, 2000).

Depuis les débuts de la domestication des animaux, l'homme n'a cessé de sélectionner et de reproduire un grand nombre d'espèces animales de façon à ce qu'elles répondent de mieux en mieux à ses besoins. Ce fait est à l'origine du développement de deux types d'élevage à savoir l'élevage en race pure et l'élevage en croisement. En effet, la survie de cette industrie qu'est l'élevage passe par l'amélioration de la qualité des performances zootechniques des animaux.

Par conséquent, la notion de race pure est primordiale en élevage car en connaissant le statut de l'animal avec ses meilleures caractéristiques (qualité de la viande, du lait, résistance aux maladies...), l'éleveur peut obtenir ainsi des descendants à haute valeur génétique.

Ce travail s'inscrit dans cette logique en essayant de déterminer le statut génique des principales races bovines du Sénégal particulièrement celles vivant dans la zone sylvo-pastorale et le bassin arachidier.

Pour ce faire, le travail va s'articuler sur trois chapitres à savoir, une revue bibliographique en chapitre I qui présente le pays et son élevage bovin suivie de la présentation du matériel et des méthodes de travail en chapitre II et enfin, une présentation des résultats et leur discussion en chapitre III. Une conclusion sera tirée de ces chapitres avec des recommandations et des perspectives en vue de décliner de nouvelles ébauches de recherches

CHAPITRE I : ETUDE BIBLIOGRAPHIQUE

I. PRESENTATION DU SENEGAL

I.1. SITUATION

Le Sénégal est situé en Afrique de l'Ouest entre 12°8 et 16°41 de latitude nord et entre 11°21 et 17°32 de longitude ouest; il couvre une superficie de 196 722 km². Il est limité à l'ouest par l'Océan Atlantique, au nord-est par le fleuve Sénégal, une frontière naturelle avec la Mauritanie, à l'est par l'affluent du fleuve Sénégal servant de frontière avec le Mali et au sud par les Républiques de Guinée Conakry et de Guinée Bissau. Le Sénégal compte quatorze (14) régions administratives (figure 1), quarante-deux (42) départements et Dakar est la capitale administrative. La Gambie constitue une enclave à l'intérieur du Sénégal.

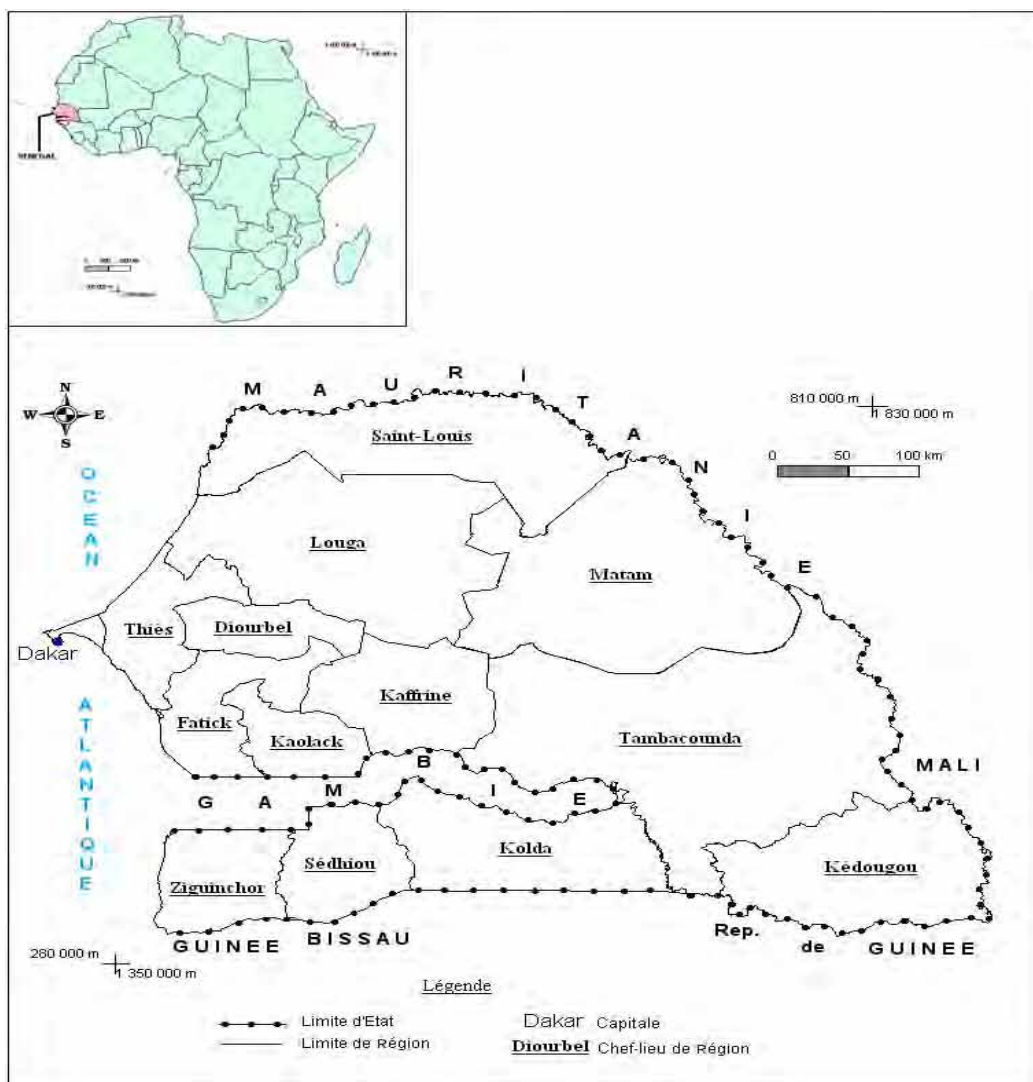


Figure 1 : Divisions administratives du Sénégal

I.2. POPULATION

L'Agence Nationale de la Statistique et de la Démographie (ANDS) a retracé, l'évolution de la population sénégalaise des deux sexes et pour tous les âges (0 à plus de 80ans) de 2003 à 2012 (ANDS, 2008). Elle a, d'abord, élaboré des projections au niveau régional en faisant chaque fois des hypothèses sur l'évolution de la région considérée et ensuite, elle a procédé à une agrégation des résultats de toutes les régions pour établir les projections nationales.

Ainsi, après finalisation et validation des données par l'ANDS, l'évolution de la population sénégalaise est relatée par le tableau ci-dessous

TABLEAU 1 : Evolution de la population sénégalaise de 2003 à 2012 (ANDS, 2008)

2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012
10 317	10 605	10 901	11 205	11 519	11 841	12 171	12 509	12 855	13 207
364	066	004	793	229	123	265	426	155	882

I.3. RELIEF

Le Sénégal est un pays plat excepté les deux collines des Mamelles qui sont des roches éruptives à l'origine des îles de Gorée et des Madeleines et les collines du Fouta Djallon à la frontière guinéenne qui culminent à moins de 500 m. Les sols sont essentiellement sablonneux surtout dans les zones sahéliennes occupant les 3/4 du pays tandis que la végétation est constituée par une grande forêt au sud, une savane arborescente au centre et une steppe épineuse au nord. Les pâturages constituent l'essentiel de l'alimentation du cheptel avec 12 millions d'hectares de terre et une productivité variant de 300 à 500 kg de matières sèches à l'hectare (MINISTERE DE L'ELEVAGE, 1999).

I.4. CLIMAT

Le climat est de type sahélien du nord au centre du pays et devient sahélo-soudanien au sud. En fait, le Sénégal constitue la transition entre la zone sahélienne et la zone tropicale humide. Ainsi, le climat est frais et humide près de la côte atlantique avec l'influence des alizés maritimes et à l'intérieur du pays souffle un vent chaud et sec : l'harmattan. Les températures varient du nord au sud et se situent entre 18 et 32°C en moyenne mensuelle. Nous distinguons une saison sèche de novembre à mai et une saison des pluies de juin à octobre. Ces pluies de deux mois au nord passent à six mois au sud, ce qui fait que, la végétation est de plus en plus dense et verte dans la partie

méridionale du pays. Cependant, d'une année à l'autre une inversion du climat peut être constatée (un retard des pluies ou des variations de la pluviométrie). Cela peut s'expliquer par l'augmentation de la teneur en CO₂ de l'air du fait de la combustion accrue de diverses formes de carbones fossiles (gaz, pétrole...) par les industries, les véhicules, les avions et même les humains par leurs activités domestiques. Et ce CO₂, qui absorbe les rayons ultraviolets du soleil, est à l'origine de l'effet de serre, phénomène très préoccupant pour le monde entier à l'heure actuelle.

II. ELEVAGE AU SENEGAL

II.1. CHEPTEL

Au Sénégal, l'élevage occupe une place importante dans l'économie nationale, puisqu'il représente environ 35% de la valeur ajoutée du secteur agricole. Il participe aussi pour 7,5% à la formation du PIB et affiche un taux de croissance de l'ordre de 6% par an au cours de cette dernière décennie (DIACK, 2009).

En outre, les productions animales touchent une part importante de la population rurale (30%) pour laquelle elles assurent sécurité alimentaire, épargne, travaux et fertilisation des champs.

Les statistiques d'élevage, datées de 2010 établies par la Direction de l'Elevage (DIREL), révèlent les effectifs du cheptel consignés dans le tableau 2 avec une place de choix occupée par les petits ruminants et la volaille.

TABLEAU 2: Effectifs en nombre de têtes du cheptel par espèce en 2010 (DIREL, 2011)

Bovins	Ovins	Caprins	Porcins	Equins	Asins	Camelins	Volaille familiale	Volaille industrielle
3 313 055	5 571 335	4 754 845	354 474	523 095	449 503	4 740	22 971 000	16 298 866

II.2. LES NOTIONS DE RACE – RACE PURE EN ELEVAGE ET EN GENETIQUE

Auparavant, la race était définie comme étant un ensemble d'individus issu de la subdivision d'une espèce soit par isolement géographique soit par sélection. C'est donc une notion empirique à connotation régionale dont les seules bases génétiques étaient les caractères observables ou ayant un déterminisme génétique simple. L'existence des populations bien identifiées et bien adaptées à leur milieu a conduit les éleveurs à se regrouper autour d'elles en créant ainsi des livrets ou livres généalogiques.

Les livres généalogiques donnent la liste des animaux classés par ordre numérique, leurs noms, les noms de leurs parents ainsi que toutes autres informations jugées utiles, par exemple, les résultats d'évaluation génétique (CLOUTIER et NAULT, 2000). Comme ils permettent d'obtenir facilement et rapidement des informations exactes sur les animaux d'une race donnée, les livres généalogiques constituent des banques de données essentielles à la sélection des géniteurs, et à la planification des accouplements. L'identification des animaux accroît ainsi la valeur des troupeaux où elle est pratiquée, en favorisant une amélioration génétique plus rapide. Aujourd'hui, la notion de race existe, essentiellement chez le gros bétail et désigne un ensemble d'individus de la même espèce ayant donc suffisamment de caractères héréditaires communs. En plus des caractères morphologiques, la notion de race est étendue à des notions physiologiques (lait, viande) mais aussi à des caractères biologiques (groupes sanguins, CMH). Ayant défini la notion de race, on peut dire par corrélation qu'un individu de race pure est un individu dont les parents sont de la même race. En d'autres termes, cet individu est homozygote pour les caractères constitutifs du standard de la race ou possède au moins les sept huitième (87,5%) du patrimoine héréditaire de la race. Les deux notions ne sont pas cependant fondamentalement différentes, la race pure étant surtout utilisée en opposition à l'élevage en croisement.

II.3 PRINCIPALES RACES DE BOVINS EXPLOITEES AU SENEGAL

Il existe trois races bovines dominantes :

- Le zébu Gobra (*Bos indicus*) encore appelé zébu peulh sénégalais. Il vit à l'ouest du Sénégal (Baol, Cayor, Djoloff), au nord du Sine-Saloum et le long du fleuve Sénégal, au sud de la Mauritanie et au nord ouest du Mali (MCD, 1991). Le Gobra est un bovin à bosse de grande taille (1,25 m à 1,46 m) et de poids à l'âge adulte variant de 350 kg à 450 kg chez le mâle et de 250 kg à 350 kg chez la femelle (SECK, 1993). Les cornes sont en forme de lyre haute, le fanon est très développé avec parfois des plis, sa tête est large, son front bombé, le chanfrein rectiligne, le chignon saillant, les oreilles longues et dressées, la robe est généralement blanche ou légèrement froment surtout chez le mâle où elle peut présenter des bringures et des charbonnures.

L'aptitude principale de cette race est la production de viande avec un poids de carcasse égal à 128,7 kg pour un rendement d'abattage de 56,7% chez les animaux âgés de 3 à 5 ans. Le poids de la carcasse atteint 373 kg avec un rendement d'abattage de 66,5 % chez les animaux extériorisés d'âge (BANKOLE et *al.*, 1997).



Photo 1 : zébu Gobra ((BANKOLE et *al.* 1997)

- Le taurin Ndama (*Bos taurus*) : on s'accorde à reconnaître au Ndama une très ancienne présence en Afrique vers les années 1534. Dans son berceau de race, le Fouta Djallon en Guinée, les bovins Ndama et leurs propriétaires peuls sédentaires sont les anciens descendants des occupants du Sahara (AKOUANGO et *al.*, 2010). Il se caractérise par une absence de bosse au niveau du garrot, sa petite taille, des cornes en lyre, une robe qui présente toutes les nuances du fauve mais la couleur la plus répandue est le froment. Au Sénégal, le taurin Ndama est retrouvé au sud dans les régions de Tambacounda et de Casamance. C'est une race trypanotolérante (aptitude à vivre normalement dans un milieu naturel infesté, en hébergeant les trypanosomes pathogènes sans présenter de signes cliniques de la maladie).

Le Ndama est aussi une race à viande avec un poids à 4 ans qui peut atteindre 328,6 $\pm$ 20,0 kg chez le mâle et 286,7 $\pm$ 8,3 kg chez la femelle avec un rendement carcasse de 50% en moyenne (SOW, 1987).



Photo 2 : taurin Ndama à robe fauve (DIACK, 2009)

- Le Djakoré est un métis naturel entre le zébu et le taurin. Il s'est développé dans la zone de contact entre les races Gobra et Ndama (nord du Sine-Saloum). Il s'agit d'une race dont les caractéristiques se rapprochent plus ou moins des races d'origine en fonction de sa situation géographique. Il présente une taille nettement supérieure à celle du taurin Ndama, une bosse peu marquée, le rein et le dos plats et larges, la ligne dorsolombaire rectiligne, le train postérieur musclé, la culotte bien descendue, les membres courts et puissants (BOYE et *al.*, 2005).

Ces bovins sont à la base de la production locale de lait qui est fortement tributaire des conditions climatiques ; en effet l'hivernage (juillet/octobre) est le moment propice pour une assez bonne production laitière mais cette production est très faible par rapport à celle des races exotiques car elle n'est que de 2 litres par vache locale (THIAM, 2005). De ce fait, cette production locale ne couvre pas la demande nationale d'où la nécessité des importations pour essayer de combler le déficit de l'insuffisance de l'offre locale (THIAM, 2005).

Pour combler ce déficit de production laitière et diminuer les importations, un programme d'insémination artificielle (IA), financé par la BAD (Banque Africaine de Développement) et le gouvernement du Sénégal, a été mis en œuvre en 1994 par le PAPEL (Projet d'Appui à l'Elevage) dans le bassin arachidier. Ce programme d'IA s'inscrit dans la dynamique de modernisation et d'intensification de systèmes de productions animales et sa zone d'emprise couvre presque tout le Sénégal. Et depuis 1994, ce programme d'IA suit son cours et après des tests concluants dans les années 1999-2000, des campagnes d'IA bovine se sont succédées de façon ininterrompue, depuis 2003, comme une activité phare dans le calendrier agricole.

II.4. SYSTEMES D'ELEVAGE

L'élevage s'intègre au niveau de trois systèmes (figure 2) à savoir :

- le système pastoral : il concerne 32% des bovins et 35% des petits ruminants et est pratiqué au niveau de la zone sylvo-pastorale appelée le Ferlo situé dans la partie septentrionale du Sénégal. Cette zone constitue la plus grande zone d'élevage du Sénégal avec son relief, son climat, ses ressources hydrauliques végétales et animales très adaptés. Le Ferlo appartient aux domaines sahélien et soudano-sahélien avec un mode d'élevage extensif transhumant suivant les disponibilités fourragères (pâturages naturels) et hydriques (existence de points d'eau temporaires ou permanents et d'un réseau de forages profonds) (MBAYE et *al* 2006).

- le système agro-pastoral : il concerne 67% et 62% des bovins et petits ruminants respectivement, et se caractérise par l'association élevage / agriculture (cultures pluviales avec le mil, l'arachide, le coton et cultures irriguées avec le riz, les tomates, les oignons). On le retrouve surtout dans le bassin arachidier, la vallée du fleuve Sénégal et la zone sud du pays. Cette association agriculture/ élevage se traduit généralement par la pratique de la culture attelée, l'utilisation de la fumure animale et l'exploitation des résidus de récolte pour alimenter le cheptel. Les modes de conduites des troupeaux y sont déterminées par la recherche de parcours saisonniers dans les limites des terroirs villageois ou à l'extérieur de la zone.
- le système périurbain intensif : il concerne 1% de bovins et 3% des petits ruminants. Les modes d'élevage intensifs et semi intensifs y sont effectués et sont principalement présents dans la zone des Niayes. Cette zone des Niayes est aussi le siège d'un important élevage avicole qui intéresse de plus en plus les producteurs car très rentable.

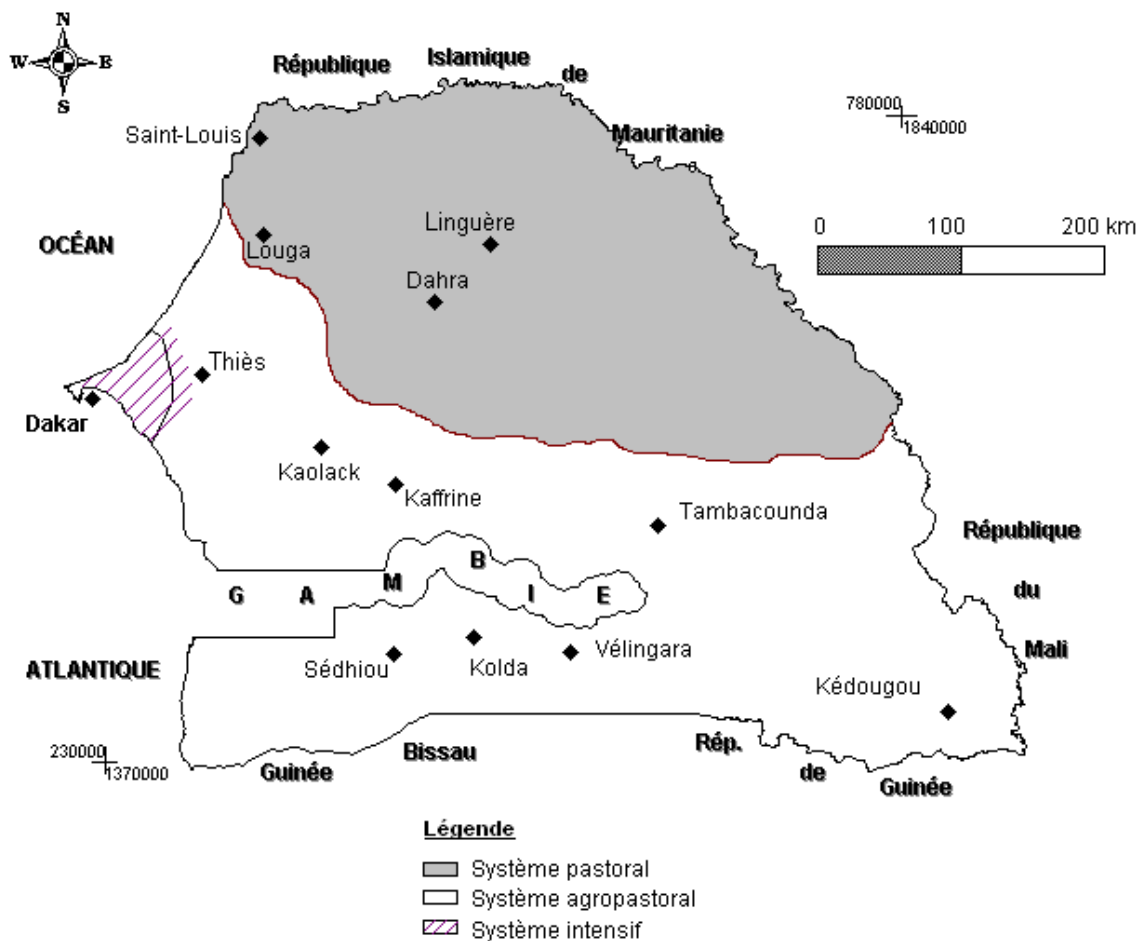


Figure 2 : Systèmes d'élevage au Sénégal (MBAYE *et al.*, 2006)

CHAPITRE II: MATERIEL ET METHODES

I. ECHANTILLONNAGE

Les trois races bovines locales à savoir le Gobra, le Ndama et le Djakoré au nombre de vingt-deux (22) constituent les sujets de notre étude. Parmi ces races, treize (13) sont considérées comme pures (F0), selon les éleveurs, réparties en 3 Djakoré, 7 Gobra et 3 Ndama et neuf (9) sont des métisses de première génération (F1) divisées en 5 Djakoré et 4 Gobra. Elles sont issues de deux zones agro écologiques du Sénégal à savoir le bassin arachidier (régions de Kaolack, Fatick et Kaffrine) et la zone sylvopastorale (région de Louga) et suivent toutes les systèmes d'élevage intensif ou semi-intensif. Les différentes localités de ces régions d'où proviennent ces animaux sont:

- Kahone (14°41 de latitude nord et 16°25 de longitude ouest) dans la région de Kaolack (entre les longitudes 14°30 et 16°30 ouest et les latitudes 13°30 et 14°30 nord)
- Birkelane (14°09 de latitude nord et 15°45 de longitude ouest) dans la région de Kaffrine (13°50 de latitude nord et 15°25 de longitude ouest),
- Mbadakhouné (14°09 de latitude nord et 14°11 de longitude ouest) et Santamba (13°43 de latitude nord et 16°25 de longitude ouest) dans la région de Fatick (14°19 de latitude nord et 16°25 de longitude ouest),
- Dahra au niveau du CRZ (Centre de Recherches Zootechniques) dans la région de Louga (15°37 de latitude nord et 16°13 de longitude ouest).

Les informations, concernant les individus échantillonnés, à savoir leur identification, leur localité, leur catégorie, la couleur de leur robe, leur mode d'alimentation et leur utilisation sont consignés dans le tableau 3. L'identification des individus de bovins est faite en utilisant les deux premières lettres (la première lettre en majuscule et la seconde en minuscule) de la race suivies de la première lettre de la localité et de la lettre P si l'individu est de race pure et enfin, un chiffre qui détermine le numéro d'identification de l'animal. **EXEMPLE** : GoBP05 : 5^{ième} individu de Gobra race pure de Birkelane et GoB03 : 3^{ième} individu de Gobra race métisse de Birkelane

Le tableau ci-dessous résume les données sur les animaux à partir desquels les 22 séquences d'ADN ont été obtenues avec leurs localités et leur statut supposé de pureté génique ou non avec F0 qui désigne les races pures et F1, les métisses de première génération.

TABLEAU 3: Résumé des données sur les individus bovins échantillonnés

Bovins	Localités	Race	Robe	Aliments		Utilisation	
				Concentrés	Fourrages	Production de lait	Autres
DjK01	Kahone	F1	Marron	x	x	x	Reproduction
DjK02	Kahone	F1	Marron	x	x	x	Reproduction
DjK03	Kahone	F1	Marron	x	x	x	Reproduction
DjM06	Mbadakhoune	F1	Noir	x	x	x	Reproduction
DjM07	Mbadakhoune	F1	Marron-blanc	x	x	x	Reproduction
DjMP02	Mbadakhoune	F0	Blanche-marron	x	x	x	Reproduction
DjMP03	Mbadakhoune	F0	Blanche	x	x	x	Reproduction
DjMP04	Mbadakhoune	F0	Blanche	x	x	x	Reproduction
NdSP01	Santamba	F0	Noire	x	x		Traction
NdSP02	Santamba	F0	Blanche	x	x		Traction
NdSP03	Santamba	F0	Blanche-marron	x	x	x	Reproduction
GoBP01	Birkelane	F0	Blanche	x	x	x	Reproduction
GoBP02	Birkelane	F0	Blanche	x	x	x	Reproduction
GoBP03	Birkelane	F0	Blanche	x	x	x	Reproduction
GoBP04	Birkelane	F0	Blanche	x	x	x	Reproduction
GoBP05	Birkelane	F0	Blanche	x	x		Reproduction
GoB01	Birkelane	F1	Noire	x	x	x	Reproduction
GoB03	Birkelane	F1	Noire-marron	x	x	x	Reproduction
GoB04	Birkelane	F1	Marron	x	x	x	Reproduction
GoB05	Birkelane	F1	Marron	x	x	x	Reproduction
GoDP08	Dahra	F0	Blanche	x	x		Sélection génétique
GoDP09	Dahra	F0	Blanche	x	x		Sélection génétique

II. ETUDE GENETIQUE

Afin de procéder à l'étude génétique à partir de l'ADN mitochondrial (ADNmt), le sang des bovins échantillonnés est prélevé au niveau de leur veine jugulaire et collecté dans des tubes avec EDTA (Acide Ethylène Diamine-Tétra-Acétique), l'EDTA permettant une meilleure conservation des acides nucléiques du sang. A la suite du prélèvement sanguin, l'extraction de l'ADNmt sera effectuée suivie de son amplification par PCR, de son séquençage et du traitement des données du séquençage grâce aux logiciels. Cependant, faisons un petit rappel sur l'ADN mitochondrial avec son gène, le cytochrome b.

II.1. L'ADN MITOCHONDRIAL (ADNmt)

L'ADNmt, avec son marqueur moléculaire le cytochrome b, est largement utilisé lors des analyses de la diversité génétique et phylogénétiques. L'ADNmt haploïde, transporté par les mitochondries du cytoplasme cellulaire, possède un mode de transmission maternelle d'hérédité, une absence de recombinaison génétique en général et un taux de mutation élevé qui permet de reconstruire les relations évolutives intra et inter raciales. La variation de l'ADNmt est lente et se prête donc très bien au calcul de distance génétique sur des périodes relativement brève. Son principal marqueur, le cytochrome b, permet la détection rapide de l'hybridation entre les espèces et les sous espèces d'animaux d'élevage (NDIAYE, 2011).

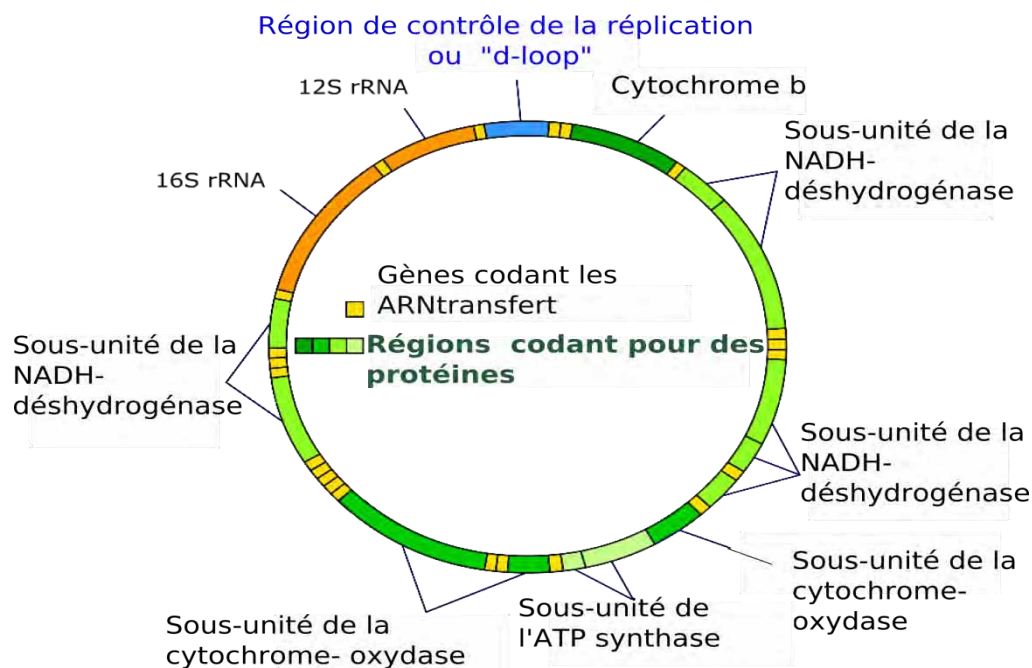


Figure 3 : Structure de l'ADNmt des mammifères (PASSARGE, 1995)

II.2. EXTRACTION D'ADN

La méthode du Kit Qiagen DNeasy a été utilisée pour l'extraction de l'ADN à partir du prélèvement sanguin. Le protocole consiste à mélanger 100µl de sang anticoagulé à 20µl de protéinase K, afin de dégrader les protéines, auquel on ajoute du PBS (tampon phosphate salin) jusqu'à un volume de 220µl et on incube le tout à 70°C après y avoir mis 200µl de tampon AL. A la suite de l'incubation, 200µl d'éthanol sont versés dans le mélange et le tout est déposé dans une colonne DNeasy puis on procède à deux centrifugations du fait de la viscosité du sang pendant 1mn chacune à 13000 rpm (rotation par minute) pour retenir l'ADN dans la membrane de la colonne. En effet, l'ADN chargé négativement se fixe, par interactions ioniques, sur la membrane de silice chargée positivement alors que, les protéines, les lipides et les polysaccharides sont éliminés. L'effluent obtenu après centrifugation est jeté de même que le tube collecteur et la colonne est récupérée et mise dans un nouveau tube collecteur de 2ml dans lequel on dépose 500µl de tampon AW1. L'ensemble est centrifugé deux fois à 13000 rpm pendant 1mn et placé dans un nouveau tube collecteur avant d'y ajouter 500µl de tampon AW2 puis, de nouveau, une centrifugation est effectuée à 13000 rpm pendant 3mn. Ces deux tampons ont pour but de purifier l'ADN fixé et d'éliminer totalement toutes sources de contaminations. Afin de sécher la membrane DNeasy, on centrifuge encore pendant 2mn à 13000 rpm et on place la colonne dans un tube propre de 1,5ml pour éluer l'ADN dans 200µl de tampon AE préalablement chauffé. Pour finir, on procède à une incubation pendant 1mn suivie d'une centrifugation à 13000 rpm pendant 1mn et d'une conservation de l'ADN élué à -20°C.

II.3. L'AMPLIFICATION PAR PCR (réaction de polymérisation en chaîne)

La PCR est une technique de la biologie moléculaire qui consiste à amplifier une portion spécifique d'un gène dont on connaît la séquence. Cette amplification a été rendue possible grâce à la découverte d'une ADN polymérase (la Taq polymérase) capable de résister aux températures de dénaturation. Cette enzyme est capable à partir d'amorces spécifiques d'ajouter des nucléotides de façon complémentaire et antiparallèle au gène dont on désire l'amplification (GUERIN et *al.*, 1993).

L'amplification de l'ADNmt est effectuée dans un thermocycleur suivant le protocole classique de PCR avec deux amorces du gène de cytochrome b à savoir le H15915 (5'-TCT CCA TTT CTG GTT TAC AAG AC-3') et le L14723 (5'-ACC AAT GAC ATG AAA AAT CAT CGT T-3'). Ces amorces sont spécifiques aux rongeurs et amplifient des séquences de 1140 paires de bases.

Le volume réactionnel pour la PCR est de 25µl constitués de 10.8µl d'eau MilliQ, de 2.5µl de tampon PCR (à 10fois), de 1.5µl de MgCl₂ supplémentaire à 25mM, de 1µl dNTPs à 25mM, de 2.5µl de H15915 à 10µM, de 2.5µl de L14723 à 10µM, de 0.2µl de Taq polymérase à 5U/µl et 4µl d'ADN dilué au 1/10.

A la suite de ce mélange, l'amplification est réalisée suivant les différentes étapes du protocole PCR pour l'obtention de 40 cycles au final. Ces étapes se résument à une dénaturation initiale à 94° C pendant 3mn suivie d'une seconde dénaturation toujours à 94°C pendant 45 secondes puis surviennent les étapes d'hybridation à 48°C pendant 1mn et d'élongation à 72°C pendant 1mn 30 secondes. Une élongation finale à 72°C pendant 10mn met fin au processus et on ramène la température à 10°C pour permettre un refroidissement du produit avant de procéder au séquençage du gène.

II.4. SEQUENCAGE DU GENE DE CYTOCHROME B

Ce séquençage, qui s'est effectué en Corée du Sud dans la ville de Séoul par la société MACROGEN, permet de déterminer l'ordre d'enchaînement des séquences de nucléotides d'un fragment d'ADN. C'est une réaction de PCR particulière utilisant, en plus des composés habituels (ADN matrice, polymérase, amorces, dNTP, Mg²⁺), des nucléotides modifiés les didésoxyribonucléotides ou ddNTP.

II.5. ANALYSES GENETIQUES DES DONNEES DU SEQUENCAGE

Trois logiciels sont utilisés dans le cadre de cette étude à savoir, le logiciel BioEdit (version 7.0.5.3) permettant aussi bien d'ouvrir, de nettoyer et d'aligner des séquences ainsi que de transformer des séquences nucléotidiques en séquences protéiques suivi du logiciel DNAsp (version 5.10.01) avec lequel nous pouvons déterminer les sites conservés ou variables, les singletons, les sites de parcimonie informative de l'ensemble des jeux de données, le nombre d'haplotypes, la diversité haplotypique et nucléotidique de l'ensemble des séquences et la divergence génétique des populations et enfin, le logiciel MEGA5 (version 5) qui permet non seulement la détermination des pourcentages de transitions et de transversions et des distances génétiques intra et inter populationnelles mais aussi la reconstruction des arbres phylogénétiques avec les trois approches possibles (Neighbor-Joining, Maximum de Parcimonie et Maximum de Vraisemblance). Et pour ces trois reconstructions, le test de bootstrap a été utilisé afin de témoigner de la robustesse des nœuds internes qui représentent les ancêtres communs des taxons ; de ce fait, une valeur de bootstrap au-delà de 50% montre la solidité des liens de parenté entre les différents individus concernés.

CHAPITRE III : RESULTATS ET DISCUSSION

I. RESULTATS

I.1. LES SEQUENCES ALIGNEES

Nous avons obtenus 22 séquences mitochondriales du gène cytochrome b ayant une longueur de 287 paires de bases.

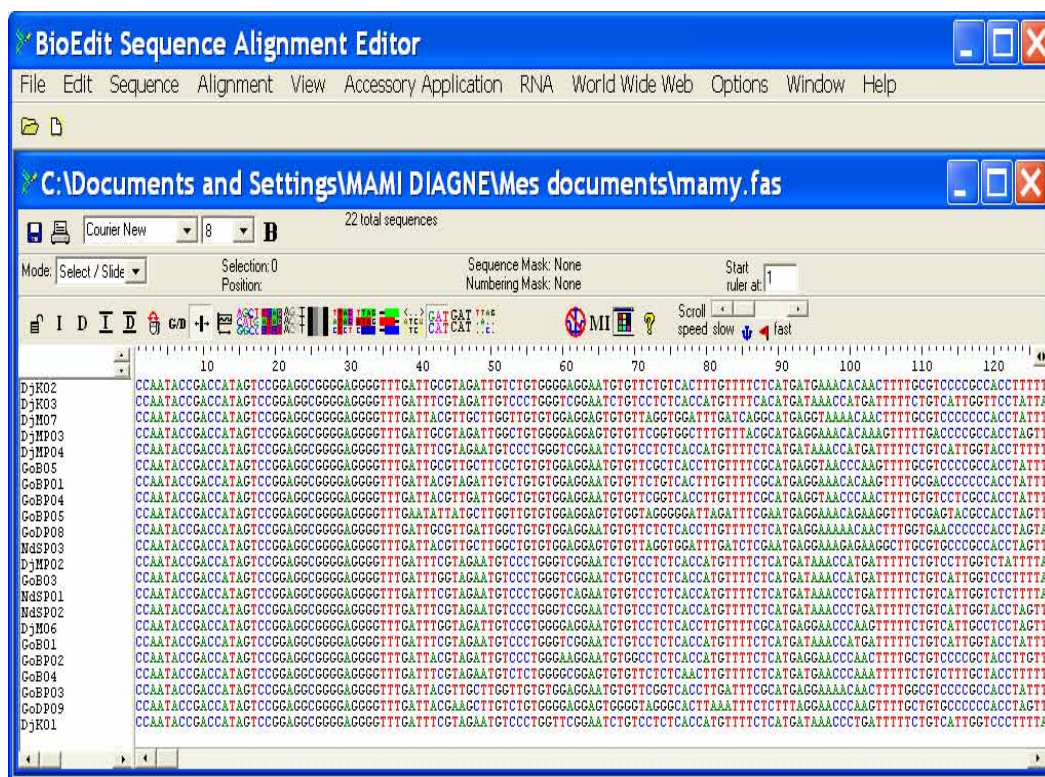


Figure 4 : alignement des séquences du cytochrome b des races bovines locales

I.2. LA DIVERSITE GENETIQUE DES POPULATIONS DE RACES BOVINES

I.2.1. LA VARIABILITE GENETIQUE

Le tableau 4 résume les valeurs des différents paramètres de la variabilité génétique des 22 séquences du cytochrome b des races bovines étudiées divisées en cinq populations à savoir les Djakoré métisses, les Djakoré pures, les Gobra métisses, les Gobra pures et les Ndama pures et chaque population a un nombre (n) d'individus bien déterminé.

TABLEAU 4 : Le polymorphisme génétique des races bovines

(**Psites** : nombre de sites polymorphes ; **Hn** : nombre d'haplotypes ; **Hd** : diversité haplotypique ; **Pi** : diversité nucléotidique ; **k** : nombre moyen de différenciation génétique)

RACES Paramètres	DJAKORE METISSE	DJAKORE PURE	GOBRA METISSE	GOBRA PURE	NDAMA PURE
N	5	3	4	7	3
Psites	98	93	97	94	101
Hn	5	3	4	7	3
Hd	1	1	1	1	1
Pi	0,17247	0,21951	0,19628	0,14087	0,23577
K	49,50000	63,00000	56,33333	40,42857	67,66667

Le nombre de sites polymorphes est moins important chez les races Gobra et Djakoré supposées pures contrairement chez la race Ndama supposée pure où Psites atteint 101. De même, k est faible chez les Gobra « pures » comparé au k des races Ndama et Djakoré « pures » qui est très élevé. Chez les métisses Djakoré et Gobra, les valeurs de Psites et de k sont toujours élevées par rapport aux valeurs des races supposées pures.

La diversité haplotypique (Hd) est la même pour tous les individus et la diversité nucléotidique (Pi) est moins importante en valeur absolue chez les Gobra « pures » (0,14) par comparaison aux valeurs de Pi des autres races aussi bien « pures » que « métisses ». Cependant, les valeurs de Hd et de Pi sont élevées pour toutes les races.

I.2.2. LA DIVERSITE GENETIQUE ENTRE LES POPULATIONS DE BOVINS

Le tableau 5 fait état des valeurs des différents paramètres de la diversité génétique entre les différentes races de bovins. Ces paramètres sont :

- le Dxy ou nombre moyen de substitutions nucléotidiques par sites entre populations,
- la Fst ou degré de différenciation génétique entre paires de populations,
- le Kxy ou nombre moyen de différences nucléotidiques entre populations.

TABLERAU 5 : diversité et différenciation génétique entre populations

Population 1	Population 2	Dxy	Fst	Kxy
Djakoré métisse	Djakoré pure	0.17213	- 0.13866	49.40
Djakoré métisse	Gobra métisse	0.17317	- 0.06472	49.70
Djakoré métisse	Gobra pure	0.16536	0.05253	47.45714
Djakoré métisse	Ndama pure	0.17375	- 0.17480	49.86666
Djakoré pure	Gobra métisse	0.17393	- 0.19533	49.91667
Djakoré pure	Gobra pure	0.21072	0.14488	60.47619
Djakoré pure	Ndama pure	0.18351	- 0.24051	52.66667
Gobra métisse	Gobra pure	0.20545	0.17949	58.96429
Gobra métisse	Ndama pure	0.18089	- 0.19422	51.91667
Gobra pure	Ndama pure	0.19197	0.01901	55.09524

L'étude du tableau ci-dessus montre que le degré de différenciation génétique (Fst) est positif pour les paires de races génétiquement différentes, de même, le nombre moyen de substitutions nucléotidiques (Dxy) et le nombre moyen de différences nucléotidiques (Kxy) sont assez élevés pour ces mêmes paires de races (voir les paires de populations en gras). Inversement, les valeurs de ces paramètres de la différenciation génétique sont assez faibles pour les races génétiquement proches. C'est le cas des races Djakoré métisses et Djakoré pures (Dxy : 0.172, Fst : -0.138, Kxy : 49.40) étant donné que les Djakoré pures sont les produits des Djakoré métisses. Le constat est le même entre les :

- métisses Djakoré et les métisses Gobra (Dxy : 0.173, Fst : -0.138, Kxy : 49.70),
- métisses Djakoré et les Ndama pures (Dxy : 0.173, Fst : -0.174, Kxy : 49.86),
- Djakoré pures et les métisses Gobra (Dxy : 0.173, Fst : -0.195, Kxy : 49.91),
- Djakoré pures et les Ndama pures (Dxy : 0.183, Fst : -0.240, Kxy : 52.66).

I.2.3. LES DISTANCES GENETIQUES INTRA ET INTER RACIALES DES POPULATIONS DE BOVINS

TABLEAU 6 : Distances génétiques intra et inter raciales des populations de bovins

RACES	Djakoré métisse	Djakoré pure	Gobra métisse	Gobra pure	Ndama pure
Djakoré métisse	0.200				
Djakoré pure	0.205	0.266			
Gobra métisse	0.203	0.205	0.232		
Gobra pure	0.193	0.258	0.247	0.159	
Ndama pure	0.206	0.222	0.216	0.230	0.292

En gras : les valeurs des distances intra-raciales

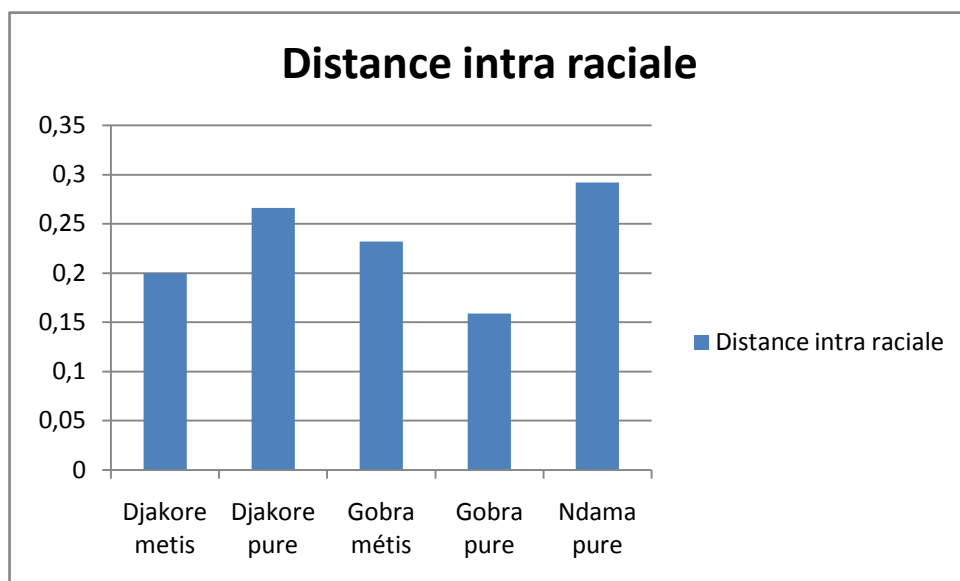


Figure 5 : Histogramme des distances génétiques intra-raciales

Les distances génétiques intra-raciales sont assez significatives chez les individus Djakoré et Ndama « purs » (0,266 et 0,292 respectivement) contrairement chez la race Gobra « pure » où cette distance est de 0,159 seulement. Chez les races métisses aussi, les distances génétiques sont importantes.

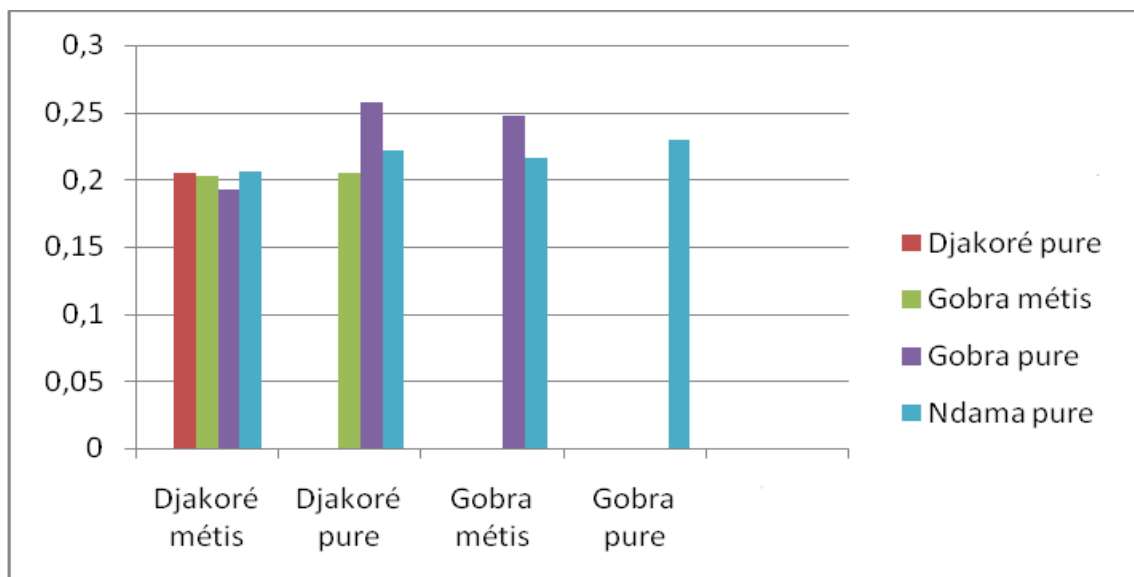


Figure 6: Histogramme des distances génétiques inter raciales

Cet histogramme nous édifie sur les relations génétiques qui existent entre les différentes populations de bovins échantillonnés.

I.2.4. LES POURCENTAGES DE TRANSITIONS ET DE TRANSVERSIONS

TABLEAU 7: les pourcentages de transitions (en gras) et de transversions

	A	T	C	G
A	-	9.73	5.41	10.2
T	6.51	-	6.76	10.7
C	6.51	12.16	-	10.7
G	6.2	9.73	5.41	-

Les transversions (**64,7%**) sont plus importantes que les transitions (**35, 32%**) et par conséquent il y a souvent des changements d'acides aminés sources de mutations fréquentes au niveau des espèces.

I.3. LES RECONSTRUCTIONS PHYLOGENETIQUES

Les relations phylogénétiques qui existent entre les différentes races de bovins étudiés sont retracées grâce aux différents arbres phylogénétiques reconstruits à partir des méthodes de Neighbor-Joining, du Maximum de vraisemblance et du Maximum de parcimonie.

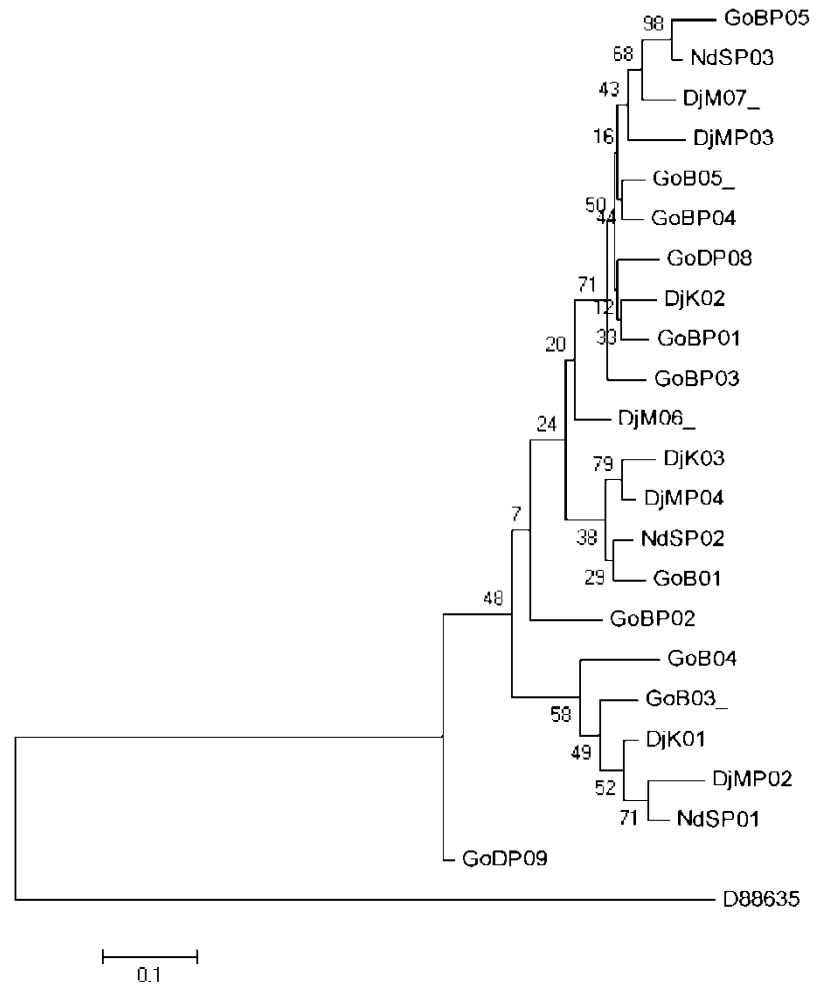


Figure 7 : Arbre de Neighbor-joining avec bootstrap 500 retraçant les relations phylogénétiques entre les différentes races de bovins avec comme « out group » l'espèce *Bubalus bubalus* (D88635)

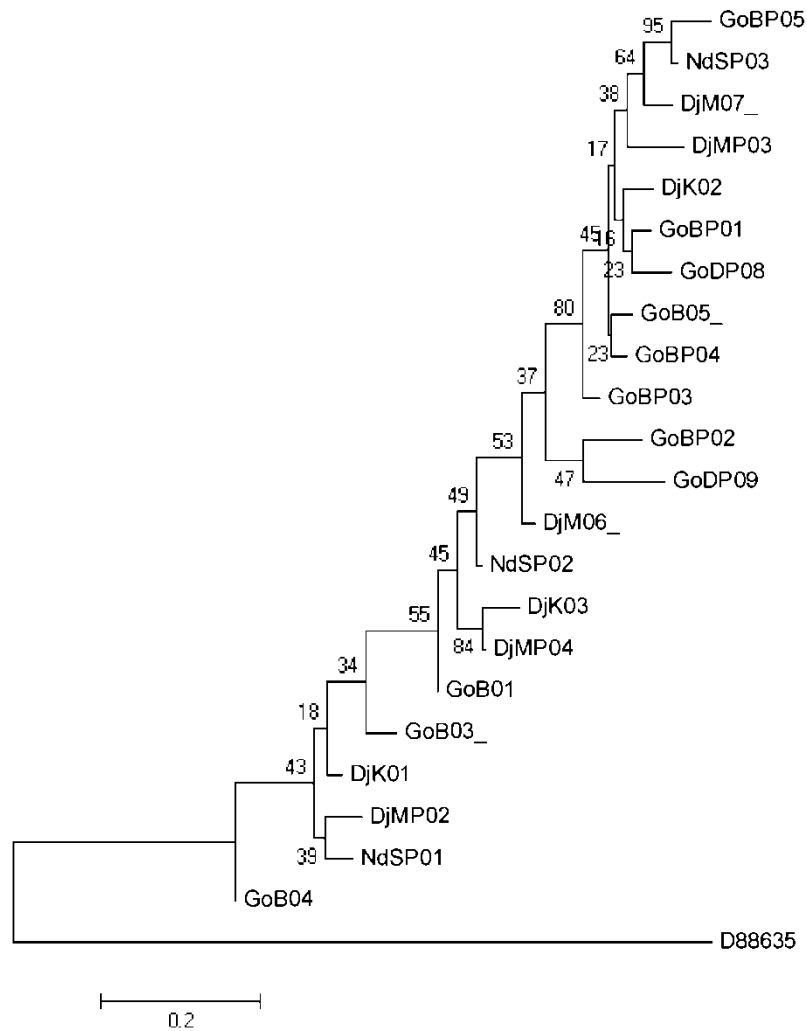


Figure 8 : Arbre du Maximum de vraisemblance avec bootstrap 500 retraçant les relations phylogénétiques entre les différentes races de bovins avec comme « out group » l'espèce *Bubalus bubalus* (D88635)

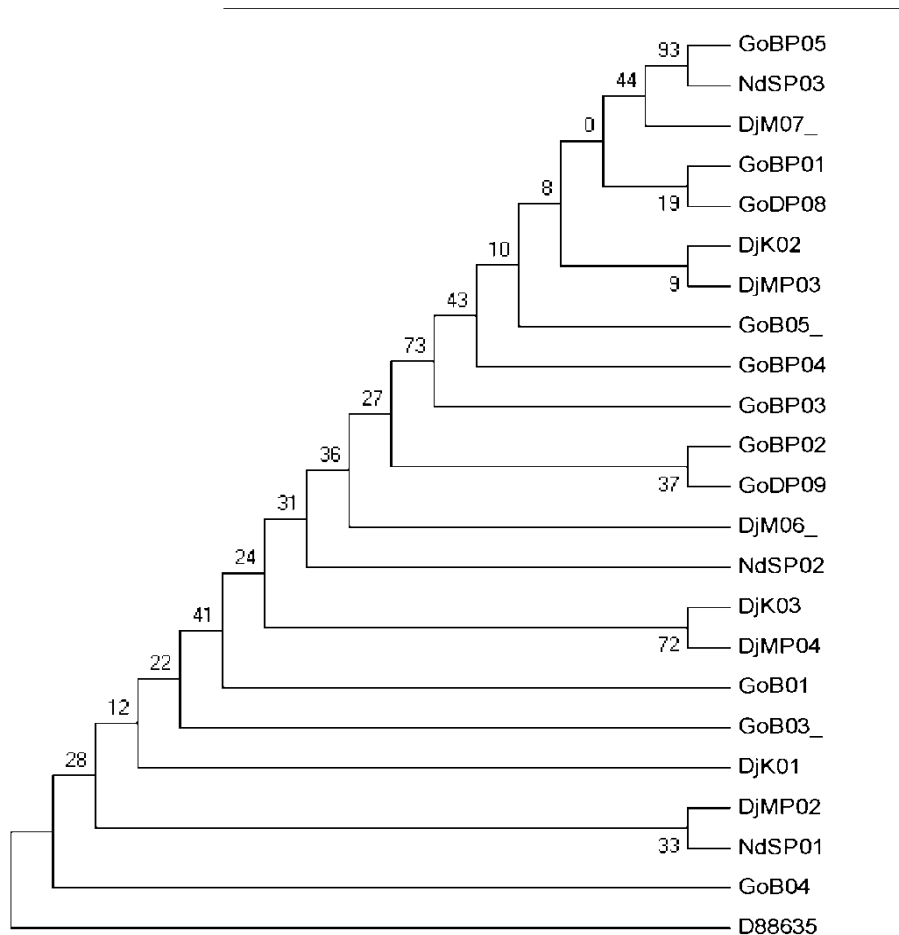


Figure 9 : Arbre du Maximum de parcimonie avec bootstrap 500 retraçant les relations phylogénétiques entre les différentes races de bovins avec comme « out group » l'espèce *Bubalus bubalus* (D88635)

Les profils relatés par les deux arbres à savoir l'arbre du maximum de parcimonie et celui du maximum de vraisemblance sont presque identiques à quelques différences près au niveau de la disposition de deux individus (DjMPO3 et DjKO2), alors que, les profils donnés par l'arbre de Neighbor-joining diffèrent un peu de ceux des autres arbres. En effet, la reconstruction de Neighbor-joining regroupe les individus deux à deux selon leur degré de ressemblance. La longueur des branches représente la distance génétique qui sépare deux taxons et témoigne ainsi de l'importance du changement évolutif entre eux. Pour une meilleure interprétation des résultats, un « out group », l'espèce *Bubalus bubalus*, (D88635) a été utilisé afin d'enraciner les arbres.

Les arbres du maximum de parcimonie et du maximum de vraisemblance montrent que tous les Gobra « pures » de Mbadakhouné sont regroupés dans un même clade associés à un Ndama « pure » de Santamba (NdSP03), à un Gobra métis de Mbadakhouné (GoB05) et un Gobra « pure » de Dahra (GoDP08) ainsi qu'à un Djakoré métis de Mbadakhouné (DjM07), un Djakoré « pure » de Mbadakhouné (DjMP03) et un Djakoré métis de Kahone (DjK02). La plupart des individus de Mbadakhouné partagent un ancêtre commun. Cependant, les deux individus GoBP02 et GoDP09 dans les deux arbres se démarquent du lot précédent car bien qu'ils partagent le même ancêtre avec les individus précités, leurs origines sont différentes.

II. DISCUSSION

Le statut des deux principales races locales de bovins à savoir le zébu Gobra (*Bos indicus*) et le taurin Ndama (*Bos taurus*) a été clairement défini auparavant avec la description de leurs caractéristiques et la définition de leur origine. Cependant, les pratiques de gestion traditionnelle de ces races a aboutit à un grand flux de gènes entre elles à l'origine de la naissance d'une troisième race, le Djakoré, qui pourrait bénéficier de certaines caractéristiques spéciales telles que la trypanotolérance ou une meilleure aptitude bouchère par rapport à leurs géniteurs. Cette migration génétique entre les zébus et les taurins pourrait s'expliquer, selon ERHARDT et IBEAGHA-AWEMU (2004), par une éventuelle séparation à court terme et un manque de séparation stricte entre les deux groupes après leur premier contact d'où les faibles niveaux de différenciation génétiques relatés par les résultats. Cependant, toujours selon ERHARDT et *al.*, (2004), les niveaux élevés de l'introgression de gènes de zébus dans la race taurine africaine risque de menacer sa caractéristique spéciale de trypanotolérance à long terme et par conséquent, les décisions de gestion durable doivent viser à limiter les échanges génétiques entre les zébus et les taurins tout en conservant la diversité pour l'avenir de l'exploitation.

En effet, l'étude des paramètres de la différenciation génétique inter raciale (D_{xy} , F_{st} et K_{xy}) révèle que plus les races sont proches génétiquement, moins sont fréquentes les substitutions et les différences nucléotidiques, et plus le degré de différenciation génétique est faible. C'est le cas par exemple des Djakoré métisses et des Ndama supposés pures, cela se comprend si l'on sait que le Djakoré est un métis issu du croisement entre un Ndama et un Gobra. Et par conséquent, la race Djakoré « pure » ne peut être considérée comme race pure car c'est un produit d'un croisement.

Les valeurs faibles du *Fst* sont négatives pour les races de bovins génétiquement proches ce qui attestent qu'il n'y a aucune différenciation génétique entre ces paires de races résultant encore du niveau élevé des échanges génétiques entre ces paires de populations; cependant, d'après WRIGHT (1978) cité par ERHARDT et IBEAGHA-AWEMU (2004), une valeur de *Fst* faible ne signifie pas nécessairement une absence de différenciation génétique.

L'analyse des distances génétiques intra raciales révèle que les individus Gobra « pures » sont très proches génétiquement donc peuvent être considérés comme de véritables race pure contrairement aux individus Ndama « pures » qui sont très éloignés les uns des autres ; cela prouve que tous les individus de la race Ndama supposés pures ne le sont pas réellement et donc l'existence d'une origine maternelle différente n'est pas à écarter.

Les distances génétiques inter raciales sont plus explicites quant à l'origine des différentes populations de bovins. En effet, à travers cet histogramme des distances génétiques inter raciales, une relation étroite entre les individus Djakoré métisses et tous le reste des individus est constatée. En d'autres termes, la distance génétique inter raciale est négligeable pour ce groupe donc ses individus possèdent des caractéristiques génétiques en commun. La distance génétique entre le Djakoré pure et les races Djakoré et Gobra métisses est assez faible comparée à celle observée entre le Djakoré pure et les races Gobra et Ndama pures. Par conséquent, le constat est que les individus Djakoré pures sont plus proches génétiquement des individus métisses. Le Gobra métis est assez éloigné des individus Gobra et Ndama pures et proches des autres tandis que les individus Gobra pures et Ndama pures sont des individus qui ont chacun leurs propres caractéristiques génétiques car leur distance génétique inter raciale est assez importante.

En définitive, l'histogramme des distances génétiques inter raciales montre que les Djakoré métisses sont beaucoup plus proches génétiquement des Gobra pures que des autres populations et seraient donc des descendants des Gobra pures. Contrairement aux Djakoré « pures » qui sont plus proches des Ndama « pures » que des Gobra pures ; cela signifie que les Djakoré « pures » ont une origine maternelle Ndama « pure » du fait de l'utilisation de l'ADNmt qui possède un mode de transmission maternelle. Quant aux individus Gobra métisses, ils sont aussi très éloignés des populations de Gobra pures et de Ndama et par conséquent l'on peut considérer que cette population de Gobra métisses ne partage pas la même origine maternelle avec les Gobra pures.

Les arbres phylogénétiques des trois méthodes corroborent avec plus de clarté les affirmations précédentes. En effet, les deux individus Gobra de Birkelane et de Dahra (GoBP02 et GoDP09) peuvent être considérés race pure car dans toutes les reconstructions phylogénétiques, ils se démarquent assez bien des autres individus. La même remarque peut être faite avec les individus GoBP05 et NdSP03 car, ils sont partout et toujours liés ensemble avec une forte valeur de bootstrap (Neighbor –joining : 98%, Parcimonie : 93% et Vraisemblance : 95%). Les autres individus Ndama « pures » et Djakoré « pures » sont retrouvés répartis un peu partout dans les clades ; cela signifie que leur origine maternelle diffère et donc ne peuvent être considérés comme des races pures. En définitive, les races Gobra « pures » peuvent être considérées véritablement pures tandis que les Djakoré « pures » et les Ndama « pures » ne le sont pas.

CONCLUSION

Les deux races de bovins étudiées à savoir *Bos indicus* (zébu Gobra) et *Bos taurus* (taurin Ndama), très représentatives du cheptel sénégalais, constituent une importante ressource économique tant pour les populations que pour le gouvernement et sont très bien adaptées à leur environnement grâce à la force de la sélection naturelle. De ce fait, pour mieux profiter des caractéristiques propres à chaque race, un croisement entre elle a été effectué pour donner naissance à la race Djakoré ; ceci entre dans le cadre d'une amélioration génétique en vue d'accroître les productions laitière et bouchère. La présente étude a essayé de déterminer le statut génique de ces trois races (pureté de la race ou non) et a pu révéler que seule la race Gobra peut être considérée comme pure d'après les différentes analyses des paramètres génétiques et les reconstructions phylogénétiques alors que, une partie seulement de la race Ndama est pure tandis que tous les individus de la race Djakoré sont des métis. En effet, chaque individu de ces races constitue un haplotype unique démontré par la forte diversité haplotypique ($H_d=1$) à l'origine des différentes lignées maternelles pour ces races. Cette situation, selon certains auteurs, est le résultat de l'existence de trois introductions majeures de ces bovins à partir des centres de domestication en Asie ; la plupart des bovins ont suivi la vallée du Nil en passant par l'Égypte ou sont venus par la corne de l'Afrique ou de la Côte Est en passant par Madagascar ou encore domestiqués à l'intérieur du continent.

La détermination de la pureté de la race est un critère important en matière de sélection génétique car elle permet de classer les animaux suivant leurs principales caractéristiques et de fournir ainsi à l'éleveur ou autres acteurs de l'élevage un meilleur programme d'amélioration génétique.

Cependant, il faut éviter une trop importante introgression de gènes d'une espèce à une autre afin de maintenir et de préserver la diversité génétique des races de bovins. Pour ce faire, en plus des informations déjà existantes sur les races et les études génétiques réalisées, il faudra tenir compte des variations morphologiques et biochimiques de ces races afin de faciliter les décisions relatives à leur conservation et à leur amélioration.

Dans cette présente étude, l'ADN mitochondrial a été utilisé pour les études de la variation génétique des trois races de bovins pour profiter de son mode de transmission maternelle d'hérédité mais, pour des études ultérieures, il faudrait envisager d'utiliser les polymorphismes des microsatellites spécifiques Y qui peuvent fournir un point de départ pour une information sur la paternité.

En effet, l'ensemble du chromosome Y agit comme une seule unité de non recombinaison qui est un mâle spécifique et un haplotype efficace ce qui fait que, des combinaisons originales d'événements mutationnels de longues lignées mâles sont conservées comme de simples haplotypes liés sans ambiguïté et par conséquent, la diversité génétique de ces haplotypes peut être analysée à la fois au sein et entre les populations. De plus, des études ont démontré que dans les brassages des populations et les schémas de migration, les bovins domestiques peuvent afficher des différences marquées liées au sexe et au vu de tous ces facteurs énumérés, il est très possible que les lignées mâles reflètent plus les différentes histoires évolutives que celles des lignées femelles.

BIBLIOGRAPHIE

1. **Akouango F., Ewomango P., Kimbembe E. et Ngokaka N., 2010.** Caractérisation morphométrique et reproductive des taureaux et vaches N'Dama du Congo. *Animal Genetic Resources*, 2010. pp : 41-47
2. **ANDS., 2008.** Estimation de la population du Sénégal de 2003 à 2012. Point E-Dakar – Sénégal. 112p.
3. **Bankole A.A., Bitar I., Missohou A., Niang A. T., Ragounandea G. et Talaki E., 1997.** Le zébu Gobra : caractères ethniques et performances zootechniques. *Animal Genetic Resources Information*, 22 : 53-60
4. **Bodian M. B., 2010.** Etude expérimentale du comportement des sous populations de bovins Ndama face à une infestation à *Trypanosoma congolense*.- Mémoire Pour l'obtention du diplôme d'Ingénieur des Travaux d'Elevage (ITE). 54 p.
5. **Boye C. M. ; Guèye E. H. F. ; Missohou A. et Sow R. S., 2005.** Bilan de la recherche agroalimentaire au Sénégal 1964-2003: la production et la transformation des produits : la viande.-Dakar : ISRA-ITA-CIRAD. 522p.
6. **Cloutier D. et Nault C., 2000.** Génétique appliquée aux animaux domestiques et d'expérimentation. Editions Saint-Martin. 277p.
7. **Diack F., 2009.** Etude des systèmes d'élevage et caractérisation morphobiométrique du taurin Ndama au sud du Sénégal.- 60p. Mémoire de DEA : Dakar ; 272
8. **DIREL, 2011.** Rapport annuel 2010. VDN-Dakar- Sénégal: Ministère de l'Elevage.
9. **Erhardt G. et Ibeagha-Awemu., 2004 (a).** Genetic structure and differentiation of 12 African *Bos indicus* and *Bos Taurus* cattle breed, inferred from protein and microsatellite polymorphisms. *J. Anim. Breed. Genet.* pp: 12-20
10. **Erhardt G., Ibeagha-Awemu E.M., Jann O.C. et Weimann C., 2004 (b).** Genetic diversity, introgression and relationships among West/Central African cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* pp: 673-690.

11. **France. Ministère de la Coopération et du Développement**, 1991. Mémento de l'Agronome. 1635 p.
12. **Guérin V., Kodjo A., Richard Y., et Sanglier J.J.**, 1993. Sondes d'acides nucléiques : Principe de l'hybridation moléculaire application au diagnostic microbiologique en médecine vétérinaire. Actualités scientifiques, l'information du biotechnicien, tome 1, numéro 3 : 137-146
13. **Mbaye A., Otte J., et Roland-Holst D.**, 2006. Agriculture, Elevage et Pauvreté : le rôle de l'élevage dans la lutte contre la pauvreté, l'exemple des filières laitières locales au Sénégal. CREA/UNIVERSITE de Berkeley, Dakar. 207p.
14. **Ndiaye N. P.**, 2011. Caractérisation des races locales bovines du Sénégal à l'aide de marqueurs biochimiques et génétiques. Mémoire de Diplôme de Master II en Biologie Animale (UCAD). 38p.
15. **Passarge E.**, 1995. Atlas de poche de génétique. Médecine Sciences Flammarion. 406p
16. **Seck M.T.**, 1993. Contribution à l'étude des besoins énergétiques pour la croissance et l'engraissement des zébus Gobra (non complet) Thèse Méd. Vét.: Dakar. 95p.
17. **Sénégal. Ministère de l'Elevage**, 1999. Plan national de développement laitier. 15p.
18. **Sow D.**, 1987. Impact des projets de développement de l'élevage sur les paramètres de la reproduction des bovins : exemples de la S.O.D.E.S.P. et du P.D.S.E.O. au Sénégal. Thèse : Méd. Vét.: Dakar. 133p.
19. **Thiam S.**, 2005. L'Economie du lait en zone sylvo-pastorale
Thèse : Méd. Vét. : Dakar. 133p.