ISSN 0378 – 9721

African Animal Genetics Resources Bulletin 2015

African Union
Inter-African Bureau for Animal Resources

Bulletin of

Animal Health and Production

in Africa

Bulletin de la

Santé et de la Production Animales

en Afrique

African Animal Genetic Resources

Union Africaine
Bureau interafricain des Ressources Animales

With support of the European Union

ISSN 0378 - 9721

INTER-AFRICAN BUREAU FOR ANIMAL RESOURCES
BUREAU INTERAFRICAN DES RESSOURCES ANIMALES
P.O Box 30786, NAIROBI, KENYA

BULLETIN

Special edition December 2015 to
commemorate the importance of animal genetic resources in Africa

AFRICAN UNION
UNION AFRICAINE

IBAR PUBLICATION
PUBLICATION DU BIRA

BULLETIN OF ANIMAL HEALTH AND PRODUCTION IN AFRICA
BULLETIN DE LA SANTE ET DE LA PRODUCTION ANIMALES EN AFRIQUE

Special edition December 2015 to commemorate the importance of animal genetic resources in Africa

Annual subcription: US$ 100.00

ISSN 0378-9721

Abonnement pour un an : 100$

BULLETIN OF ANIMAL HEALTH AND PRODUCTION IN AFRICA

Special edition December 2015 to commemorate the importance of animal genetic resources in Africa

PREAMBLE 7

1. A COMPARISON OF SOME ANATOMICAL CHARACTERISTICS OF MALE AND FEMALE REPRODUCTIVE ORGANS OF THE WHITE FULANI AND WEST AFRICAN SHORT HORN CATTLE IN GHANA: A SHORT COMMUNICATION. *Ibrahim, S. and Addah, W.* 9

2. CARACTERISATION PHENOTYPIQUE DES POPULATIONS LOCALES DE POULETS (GALLUS GALLUS DOMESTICUS) AU TOGO. *Dao B, Kossoga A, Lombo Y, Ekoué S, Talaki E, Dayo G and Bonfoh B.* 15

3. EFFECT OF BREED AND NON-GENETIC FACTORS ON PERCENTAGE MILK COMPOSITION OF DUAL-PURPOSE CATTLE IN ASHANTI REGION, GHANA. *Coffie, I., Annor, S. Y., Kagya-Agyemang, J. K. and Bonsu, F. R. K.* 35

4. VARIABILITÉ PHÉNOTYPIQUE DANS LES POPULATIONS DE COBAYES DOMESTIQUES (CAVIA PORCELLUS) DU CAMEROUN. *Ayagirwe. R B B, Meutchieye F, Wikondi J, Poutougnigni Y M, Niba A T and Manjeli Y.* 43

5. CARACTÉRISTIQUES PHÉNOTYPIQUES DES DROMADAIRES DE LA RÉGION DE BAHR-EL GAZAL AU TCHAD. *Djomtchaigue H B, Meutchieye F and Manjeli Y.* 51

6. A CRITICAL REVIEW OF SUSTAINABLE CONSERVATION OPTIONS FOR ANIMAL GENETIC RESOURCES IN INDIGENOUS PRODUCTION SYSTEMS IN THE AFRICAN REGION. *Ahiagbe K M J, Osei Amponsah R and Botchway P K.* 65

7. PHANÉROPTIQUE ET ZOOMÉTRIE CHEZ QUATRE TYPES GÉNÉTIQUES DE POULES LOCALES DES HAUTES TERRES DE L'OUEST CAMEROUN. *Keambou T C and Manjeli Y.* 79

8. PARAMÈTRES PHÉNOTYPIQUES ET GÉNÉTIQUES DU POIDS ET DU GMQ CHEZ LA CHÈVRE KIRDI (*CAPRA HIRCUS*) DANS LA ZONE SOUDANO SAHÉLIENNE DU CAMEROUN. *Choupamom J, Meutchieye F, Njoya A and Manjeli Y.* 111

9. DIVERSITÉ PHÉNOTYPIQUE DE L'ÂNE DOMESTIQUE DANS LA RÉGION DE HADJER-LAMIS, ZONE SAHÉLIENNE DU TCHAD. *Daloum S, Meutchieye F and Manjeli Y.* 123

10. DIVERSITÉ PHÉNOTYPIQUE DE L'ÂNE DOMESTIQUE (EQUUS AFRICANUS ASINUS) DANS LA RÉGION DES HAUTES TERRES DU NORD OUEST CAMEROUN. *Defeu M, Meutchieye F and Manjeli Y.* ... 137

11. DIVERSITY OF GENETIC TYPES OF LOCAL CHICKENS AND INTROGRESSION WITH COMMERCIAL EXOTIC STRAINS IN CAMEROON. *Keambou T C, Hako T B A, Ommeh S, Bembide C, Manjeli Y, Wamonje F, Nzuki I, Wanjala B, Wamalwa M, Njahira M, Kyalo M, Cho C Y, Skilton R A and Djikeng A.* 151

12. EFFECTS OF BODY WEIGHT AND CONDITION CHANGES AFTER PARTURITION ON THE REPRODUCTIVE PERFORMANCE OF SAHIWAL AND FRIESIAN CATTLE. *Indetie D, Musalia L, Bebe B, Wathuta E, Indetie A, Kinywa J and Lukibisi F.* 169

13. EXPERIMENTALLY INDUCED SECONDARY CRYPTORCHIDISM: EFFECTS ON GROWTH PERFORMANCE OF DJALLONKÉ LAMBS – A SHORT COMMUNICATION. *Addah, W and Torkornoo, J.* 179

14. FFECTS OF NUTRITIONAL SUPPLEMENTATION AND GENOTYPE ON MILK PRODUCTION AND FERTILITY OF LACTATING DAIRY CATTLE UNDER TROPICAL CONDITIONS. *Indetie D, Musalia L, Bebe B, Wathuta E, Indetie A, Kinywa J and Lukibisi F.* 183

15. EFFET DE DIFFERENTES DOSES DE PMSG SUR LA DYNAMIQUE FOLLICULAIRE ET LA FERTILITE CHEZ LES VACHES NDAMA SYNCHRONISEES. *Missohou A, Munyaneza C, Ayssiwede S, Cisse P and Touré A.* 195

16. EVALUATION DE LA PROLIFICITÉ DE LA CHÈVRE COMMUNE LOCALE DE LUOZI EN RÉPUBLIQUE DÉMOCRATIQUE DU CONGO. *Mundondo E, Bakana B, Nyongombe and Tonadio*..... 207

17. INDIGENOUS KNOWLEDGE IN CATTLE BREEDING IN SIERRA LEONE. *Abdul R S, Samba P T and Saidu K*..... 213

18. GENETIC DIVERSITY OF GHANAIAN LOCAL CHICKEN POPULATIONS BASED ON MICROSATELLITE AND MITOCHONDRIAL DNA ANALYSIS. *Kayang B B, Naazie A, Kinoshita K, Mizutani M, Nirasawa K, Nakamura A, Nagao K, Hayakawa H, Fujiwara K and Inoue-Murayama M*..... 219
.....

19. PROLIFICACY AND ITS RELATIONSHIP WITH BODY MEASUREMENTS IN CAMEROON NATIVE GOATS. *Kouam S J, Meutchieye F, Kenfack W P and Manjeli Y*..... 235

20. LA PROLIFICITE DE LA CHEVRE COMMUNE LOCALE (*Capra hircus*) TERRITOIRE DE MBANZA NGUNGU EN R.D.CONGO. *Mundondo E, Bakana B M and Nyongombe U*..... 243

21. CAMEROON NATIVE GOAT POPULATIONS' GENETIC DIVERSITY AND MATERNAL ORIGIN ASSESSED BY D-LOOP MTDNA POLYMORPHISMS. *Meutchieye F, Ema-Ngono P J, Djikeng A, Omeih S, and Manjeli Y*..... 255

22. PRODUCTION SYSTEMS, DIVERSITY AND RICHNESS OF CAVY CULTURE IN CAMEROON *Meutchieye F, Ayagirwe R B B, Wikondi J, Poutounynyi Y M, Niba A T, Mvogo I G N, Yiva H C, Manjeli Y and Djikeng A*..... 261

23. PHENOTYPIC FEATURES OF CAMEROON NATIVE GOATS UNDER TRADITIONAL MANAGEMENT. *Meutchieye F, Katchouang A S N, Tangomo A N, Djoulde S A, Agaba M and Manjeli Y*..... 267

24. PRIMARITY AND BIOMETRIC INDICES OF NATIVE GOATS IN WESTERN CAMEROON. *Meutchieye F and Manjeli Y*..... 273

25. CONTRIBUTION DU CODE BARRE D'ADN À L'IDENTIFICATION DE LA VIANDE DE BROUSSE DANS LES MARCHES DU CAMEROUN. *Miantsa F O, Meutchieye F, Tsi E A, Skilton R, Djikeng A, Njahira M and Muthui E.* 279

26. MODELING GROWTH PERFORMANCES, SURVIVAL, AND FEED EFFICIENCY OF FOUR LOCAL CHICKENS GENETIC TYPES FROM CAMEROON. *Keambou T C, Hako T B A, Mignon-Grasteau S and Manjeli Y.*. 287

27. MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION OF LOCAL PIGS IN GHANA. *Adjei, O.D., Osei-Amponsah, R. and Ahunu, B.K*..... 299

28. CARACTÉRISTIQUES SOCIOÉCONOMIQUES ET TECHNIQUES DE L'ÉLEVAGE ÉQUIN DANS LA RÉGION DU NORD-OUEST CAMEROUN. *Nyock R A F, Meutchieye F, Manjeli Y, Ojong-Bessong W and Tchoumboue J*..... 305

29. BIODIVERSITÉ DES ÂNES (EQUUS ASINUS) DANS LA ZONE SOUDANO-SAHÉLIENNE DU TCHAD : RÉGION DU CHARI-BAGUIRMI. *Tebourdanne G P, Meutchieye F and Manjeli Y*..... 315

30. CARACTÉRISATION BIOMOLÉCULAIRE ET STRUCTURE DE LA POPULATION DES COBAYES DE LA ZONE AGRO-ÉCOLOGIQUE À PLUVIOMÉTRIE BIMODALE DU CAMEROUN. *Poutougnigni M Y, Meutchieye F, Ayagirwe R B B and Manjeli Y*..... 321

31. CHARACTERIZATION OF LOCAL PIG PRODUCTION SYSTEMS IN GHANA. *Adjei, O.D., Osei-Amponsah, R. and Ahunu, B.K*..... 337

32. DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DES POPULATIONS DES COBAYES (CAVIA PORCELLUS) DE LA ZONE AGRO-ÉCOLOGIQUE DES HAUTES TERRES DE L'OUEST-CAMEROUN. *Wikondi J, Meutchieye F, Ayagirwe R B B, Poutougnigni M Y and Manjeli Y*..... 343

PREAMBLE

Africa is endowed with a rich diversity of Animal Genetic Resources (AnGR) which play a very important role in livestock production systems and indeed in the livelihoods of millions of Africans making invaluable contributions to food security and economic development. These genetic resources possess important adaptive traits which make them cope with adverse conditions such as lack of feed and water, heat, disease pressure and therefore, making them more suitable for rearing in the sometimes harsh African environments. Africa has been losing some of its important animal genetic resources due to various factors including indiscriminate crossbreeding, poor breeding programmes and lack of supportive policies, legislation and deliberate conservation initiatives.

Animal genetic resources are not only important public goods but also national and regional treasures that should be utilized and shared by various stakeholders and conserved at all cost for Africa's benefit.

In 2015, there was a decision by the Editorial Board of the Bulletin of Animal Health and Production in Africa to commemorate Animal Genetic Resources in Africa with a special edition focusing on multi-disciplinary topics that embody the management and utilization of AnGR. A call for original papers on African Animal Genetic Resources was advertised and all papers submitted were subjected to the regular peer review process of the journal. These papers provide information on recent advances on research and development in various aspects of animal genetic resources in Africa, such as breeding, genetic improvement, conservation, population genetics, genomics, policy and legislation, socio-economic aspects of AnGR, impacts of climate change on AnGR, amongst others.

This Special Edition is published in the framework of the Animal Genetic Resources Project which is financially supported by the EU and the AUC.

Simplice Nouala, PhD
Chief Animal Production Officer,
Editor in Chief of the Bulletin of Animal health and Production in Africa
AU-IBAR

A COMPARISON OF SOME ANATOMICAL CHARACTERISTICS OF MALE AND FEMALE REPRODUCTIVE ORGANS OF THE WHITE FULANI AND WEST AFRICAN SHORT HORN CATTLE IN GHANA: A SHORT COMMUNICATION

Ibrahim, S. and Addah, W.
Department of Animal Science, University for Development Studies
P. O. Box TL 1882, Tamale, Ghana.

Abstract

Testicular and ovarian sizes and dimensions are closely related to reproductive potentials of bulls and cows, respectively. This study compared sizes and dimensions of testes, ovaries, uteri and uterine horns of West African Short Horn (WASH) and White Fulani cattle in the Northern region of Ghana. A total of fifty male and fifty female full reproductive organs each of the White Fulani and WASH cattle were collected from the main Tamale abattoir in the Northern region.

Data were analyzed by the generalized linear model of the General Statistics software. Most testicular parameters were greater for White Fulani than for WASH, except in younger bulls; testicular circumference of young bulls were not different (P = 0.249 and P = 0.339, respectively) between breeds but testicular weight was greater (P = 0.032) in White Fulani than WASH cattle. The greatest influence of androgens on the growth and development of reproductive organs is evident in adult than in younger bulls because prebuteral androgen outputs are not great enough to stimulate differences in the growth of reproductive organs and of receptor proteins for this androgen hence the lack of differences between breeds at a younger age. Except for the circumference of the ovaries (P = 0.462), most parts of the female reproductive organs were not different (P = 0.279) between breeds at the adult age, however, the length of the uterine horns (P = 0.007) and uteri (P = 0.015), and weight of the ovaries (P = 0.039) were longer and heavier, respectively for White Fulani heifers than for WASH heifers.

The lack of difference between female reproductive organs of WASH and White Fulani at the adult age could be due to the confounding effects of the physiological state (follicular or luteal) of the ovaries depending on the oestrus cycle of the cow at the time measurements were taken.

This study indicates that data on testicular sizes and dimensions of adult bulls and of uteri and uterine horns of heifer could be used to predict the differences between the breeding potential of the White Fulani and WASH cattle.

Key words: Length of uteri, testicular circumference, testicular weight

COMPARAISON DE CERTAINES CARACTÉRISTIQUES ANATOMIQUES DES ORGANES REPRODUCTEURS MÂLES ET FEMELLES DES BOVINS FULANIS BLANCS ET DES BOVINS À COURTE CORNES D'AFRIQUE OCCIDENTALE AU GHANA : UNE COMMUNICATION SUCCINCTE

Résumé

Les tailles et dimensions des testicules et des ovaires sont étroitement liées aux potentiels de reproduction des taureaux et des vaches. La présente étude a réalisé une comparaison des tailles et dimensions des testicules, des ovaires, des utérus et des cornes utérines de bovins fulanis blancs et de bovins à courtes cornes d'Afrique occidentale (WASH : West African Short Horn) dans la région nord du Ghana. Au total, cinquante organes reproducteurs mâles et femelles complets de bovins fulanis blancs et de bovins à courtes cornes WASH ont été collectés à l'abattoir principal de Tamale dans la région nord. Les données ont été analysées en utilisant le modèle linéaire généralisé du logiciel statistique général. La plupart des paramètres testiculaires étaient supérieurs chez les bovins fulanis blancs par rapport aux WASH, sauf chez les jeunes taureaux. La circonférence testiculaire des jeunes taureaux n'étaient pas différente (P

Corresponding authors email: addweseh@yahoo.com

= 0,249 et P = 0,339) entre les deux races, mais le poids des testicules était plus élevé (P = 0,032) chez les bovins fulanis blancs par rapport aux bovins WASH. La plus grande influence des androgènes sur la croissance et le développement des organes reproducteurs est évidente chez les taureaux adultes par rapport aux jeunes taureaux car les secrétions d'androgènes pré-pubères ne sont pas suffisamment importantes pour stimuler des différences au niveau de la croissance des organes reproducteurs et des protéines réceptrices de ces androgènes, d'où l'absence de différences entre les races à un plus jeune âge. À l'exception de la circonférence des ovaires (P = 0,462), la plupart des parties des organes reproducteurs femelles ne sont pas différentes (P = 0,279) entre les races à l'âge adulte, cependant, les cornes utérines (P = 0,007) et les utérus (P = 0,015) et le poids des ovaires (P = 0,039) étaient plus longs et plus lourds, respectivement pour les génisses fulanies blanches par rapport aux génisses WASH. L'absence de différence entre les organes reproducteurs femelles des WASH et des fulanis blancs à l'âge adulte pourrait être due à des effets confusionnels de l'état physiologique (folliculaire ou lutéal) des ovaires selon le cycle œstral de la vache au moment de la prise des mesures.

Cette étude indique que les données sur les tailles et les dimensions des testicules des taureaux adultes et des cornes utérines pourraient être utilisées pour prédire les différences entre le potentiel de reproduction des bovins fulanis blancs et des bovins à courtes cornes d'Afrique occidentale.

Mots-clés : longueur des utérus, circonférence testiculaire, poids des testicules

Introduction

The West African Short Horn (WASH) and White Fulani cattle are the predominant breeds of cattle in southern (Osei-Amposah *et al.,* 1998) and Northern regions (Karbo and Bruce, 2000) of Ghana. The White Fulani and WASH differ greatly in size but differences in the growth and development of their reproductive organs are very much similar. This information can be useful for predicting their reproductive potential as testicular size and weight are intimately correlated to sperm production capacity, number of spermatozoa ejaculated and spermatozoa reserves (Sarker, 2013).

Whereas the growth of the uterus of a cow is dependent on parity and stage of pregnancy, its pathological condition and the size of the uterine horns are independent of gestation (Laing *et al.,* 1980) and their dimensions can represent good indices for assessing the breeding potential of animals. Breeding soundness evaluation provides a reasonably accurate estimation of the breeding potential of bulls. However, apart from the ability of bulls to mount and the ability of cows to withstand the mount, testicular and ovarian sizes and dimensions are considered some of the important indices of breeding soundness evaluation (Vasquez *et al.,* 2002). The weights and dimensions of the testes and ovary also appear to be age- and breed-dependent (Brito *et al.,* 2002). An understanding of the anatomical characteristics of the reproductive organs of cattle is helpful in breeding management is decision, diagnosing abnormalities in breeding animals and predicting the breeding potential of cattle.

In Ghana, the dominant breeds of cattle are the WASH and white Fulani and their crosses. Differences in the physical anatomy of the reproductive organs of the WASH and white Fulani, the predominant breeds, have not been documented. Such differences are important in providing information about the reproductive potential of these breeds. This study compared the anatomical differences between the reproductive organs of the WASH and white Fulani cattle.

Materials and methods

Data collection

A total of fifty male and fifty female full reproductive organs each of the White Fulani and WASH cattle were collected from the main Tamale abattoir in the Northern region of Ghana (Fig. 1). The organs were removed after slaughter and sent to a laboratory at the University for Development Studies for measurement of length, circumference and weight of ovaries and testes. The length and



Figure 1: White Fulani bull (white colour) and a West African Short Horn cow (white streaked with brown colour) in a lairage at the Tamale abattoir in Ghana, prior to slaughter

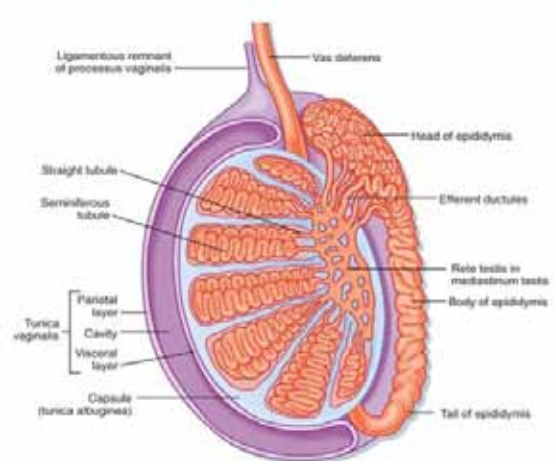


Figure 2: Anatomy of the adult testis (Koeppen and Stanton, 2008). Measurements of testicular size and dimensions were made after the scrotum and connectives were removed to expose the parietal layer.

weight of the uteri and uterine horns were also measured. The slaughtered animals from which organs were removed were first aged by dentition (Torell *et al.,* 2003) and then classified as younger or older bulls, or heifers or cows based. Younger bulls or heifers were ≤12 months whereas adult bulls or cows were ≥12 months. Except for White Fulani cattle, majority of cattle slaughtered at the abattoir were purchased from six districts in the Northern region in Ghana, namely, Savulugu, Nanton, Tolon, Kumbungu, Gushegu and Karaga districts.

Sample preparation and measurements

At the laboratory, the pair of ovaries were cleaned of adhering connective tissues, fat and muscles leaving an overlying parietal layer (Fig. 2) and then individually weighed on an electronic scale (Mettler PM 480; Mettler-Toledo Int., Inc., Columbus, OH, USA). The average of the pair of testes was then recorded. The length and circumference of ovaries and testes were measured with an engineer's vernier callipers (0-150 mm). For the length of uteri, measurements were made from the anterior of the cervix (os vagina) to the point of the uterus where the horns are fused with the uterine body. The length of the uteri and uterine horns were measured with a flexible cloth thread. This measured length of thread was then transferred to a standard rule to determine the actual full length of the uteri and uterine horns. The lengths of the pair of uterine horns were measured from junction of the uterine horns with the body of the uterus, to the point where the oviduct joins the uterine horns. For the circumference of testes, three measurements were taken, one in the middle and one each at the head and tail of the oval-shaped testis (Fig 1). The average of the three measurements was then recorded. For ovaries, two measurements in opposite directions (horizontally and vertically) of the ovary were taken and the average recorded.

Statistical analyses

Data were analyzed by the General linear model of General Statistics (Genstats) software separately for each breed of cattle. Considering the positive relationship between age and growth of the reproductive organs (Perumal, 2014), comparison of organs characteristics between young and old cattle was not necessary and was therefore not done. The student t-test was used to compare means and differences between means were separated at P≤0.05.

Results and Discussion

Table 1 indicates sizes and dimensions of various parts of the male reproductive organ. In general, most testicular parameters were greater for White Fulani than WASH except in younger bulls. Testicular length and circumference of young bulls were not different (P = 0.249 and P= 0.339, respectively) between breeds but testicular weight was greater (P = 0.032) for the White Fulani than the WASH. The greatest influence of androgens on the growth and development of reproductive organs occurs in adult animals. This occurs after the attainment of puberty. The lack of difference between younger breeds for most dimensions measured in this study was not therefore unexpected as testosterone output from prebubertal testes and the effects of testosterone on growth of the male reproductive organ should be lower for younger animals because of lower androgen secretion and lack of well-developed receptor proteins for this androgen.

Testicular weight and age have been found to be highly correlated (r = 0.93) in Tho Tho cattle (*Bos indicus*) in India (Perumal, 2014). The author similarly observed a strong positive relationship (r = 0.98) between testicular weight and volume. Testicular volume influence semen volume and hence reproductive capacity of bulls. Whereas it may be practically impossible to use testicular weight as breeding soundness evaluation criteria for assessing breeding animals, measurement of testicular weight could be used for developing regression equations to predict the reproductive potential of breeding animals within a particular genotype. Testicular parameters for White Fulani and Short horn cattle in Ghana are not available and therefore there are no standard breeding soundness evaluation data for these breeds. The average weight of testis observed for adult White Fulani bulls in this study (160 g) was however similar to 163 g recently obtained for a similar breed; Sokoto Gudali bulls, in Nigeria (Addass *et al.,* 2013). In Ghana, an agreement on the best breeding soundness criteria could depend on the breeding objective of the farmer as mating practices in Ghana are not regulated because of the free range management of farm animals. Most farmers in Ghana will rather sell their breeding animals that have

Table 1: Testicular parameters of young and old White Fulani and WASH cattle slaughtered at the Tamale abattoir

Item	White Fulani	WASH	P value
Young bulls (≤12 months)			
No. of paired samples (n)	24	24	-
Weight of testes (g)	73.8	58.6	0.03
Length of testes (cm)	12.4	8.0	0.29
Circumference of testes(cm)	3.23	3.07	0.25
Old bulls(≥12 months)			
No. of paired samples (n)	26	26	-
Weight of testes (g)	160.5	104.9	0.001
Length testes (cm)	11.8	9.9	0.001
Circumference of testes(cm)	4.2	3.5	0.001

WASH: West African Short Horn

Table 2: Characteristics of the female reproductive organs of White Fulani and WASH heifers and cows slaughtered at the Tamale abattoir

Item	White Fulani	WASH	P value
Heifers (≤12 months)			
No. of paired samples (n)	16	16	-
Weight of uterus (g)	2.68	1.94	0.039
Circumference of ovaries (cm)	1.24	1.16	0.462v
Length of uterine horns (cm)	12.9	10.54	0.007
Length of uterus (cm)	9.71	7.36	0.015
Cows (≥12 months)			
No. of paired samples(n)	34	34	-
Weight of uterus (g)	4.06	3.50	0.279
Circumference of ovaries (cm)	1.47	1.61	0.408
Length of uterine horns (cm)	13.20	12.89	0.734
Length of uterus (cm)	11.29	10.18	0.046

WASH: West African Short Horn

reproductive deformities or abnormalities at the market whereas those with good breeding potentials are often sold to other neighbouring farmers. We could not however ascertain this hypothesis even though in ~4% of the bulls in either breeds had abnormal testicular shape.

Higher correlation has been observed between testis size and scrotal circumference and therefore, these could be considered as good indicators of spermatogenic function in bulls (Perumal, 2014). Body weight and testicular weights are also highly correlated (r = 0.098) and this may explain why most testicular parameters were greater for White Fulani than WASH cattle (Table 1).

Table 2 shows differences between the female reproductive organs of White Fulani and WASH cattle. The circumference of the ovaries were similar (p = 0.462) between breeds in both heifers and cows. Length of the uterine horns (p = 0.007), uteri (p = 0.015) and weight of the ovaries (p = 0.039) were longer and heavier, respectively for White Fulani heifers than WASH heifers. For cows, only the uteri differed between breeds. They were also longer (p = 0.046) for the White Fulani than the WASH. The lack of difference in mature cows between the White Fulani and WASH could be attributed to the confounding effects of the physiological state of the ovaries. Follicular ovaries have one or more follicular distensions whereas ovaries in the luteal phase may have no distensions. We did not differentiate between follicular and luteal ovaries and this could have confounded that data. About 10% and 5% of ovaries were however, observed to have abnormally bigger distensions, an indication of a cystic condition of the ovaries. Such confounding effects were however absent in the prepubertal heifers. In southern Ghana, 15% of cattle are disposed by famers because of reproductive diseases (Osei-Amposah *et al.,* 1998).

Whereas measurement of breeding potentials of animals after slaughter suggest such animal may not be available for breeding purposes, they offer more accurate and useful information about the genetic merits of the breed than measurements made on live animals because testicular measurement from live animals may not give accurate values due to the difficulty of excluding the epididymis and other associated tissues (Perumal, 2014) and the difficulty of iteration regression models to converge during regression analysis for predicting these parameters.

Conclusion

This study suggest that, testicular size and dimensions of adult bulls can be used in equations to predict the breeding soundness between White Fulani and WASH bulls but measurement of these parameters may not be good for assessing the difference in breeding potential of matured White Fulani and WASH cows as well as younger bulls because of the confounding effects of changes in these organs associated with the physiological state of the matured cow or reproductive age of the bulls.

References

Addass, P. A., Midau1, A., Yahya, M. M. and Tizhe, M. A. 2013. Genotype variation, age and body condition score on some paired testes measurements among common indigenous bull cattle breeds in Mubi Adamawa State, Nigeria. Annals of biological research. 4, 253-256.

Brito, L. F. C., Silva, A. E. D. F., Rodrigues, L. H., Vieira, F. V., Deragon, L. A.G and Kastelic J. P. 2002. Effect of age and genetic group on characteristics of the scrotum, testes and testicular vascular cones, and on sperm production and semen quality in AI bulls in Brazil Theriogenology. 58, 1175–1186.

Karbo, N. and Bruce, J. 2000. The contribution of livestock to food security in Northern Ghana. A Canadian International Development Agency – Ghana food security programme report. 40 pp.

Koeppen, B. M. and Stanton, B. A. 2008. Berne and Levy physiology. 6th edition. Mosby Elsevier, Philadelphia

Laing, J.A., Gibbs, H.A., Eastman, S.A. K. 1980. A herd test for pregnancy in cattle based on progesterone levels in milk. British Veterinay Journal 136:413.

Osei-Amposah, R., Ahunu, B. K., Osei, J. B., Aboagye, G. S. and Kissiedu, H.W.A. 1998. Reasons for disposal in beef herds in southern Ghana. Proceedings of the 24th Animal Science Symposium. August 26-29th, 1998. Faculty of Agriculture, UST, Kumasi, Ghana.

Perumal, P. 2014. Scrotal circumference and its relationship with testicular growth, age, and body weight in Tho Tho (*Bos indicus*) bulls. International scholarly research notices. Vol. 2014. 6 pp. http://dx.doi.org/10.1155/2014/249537, date assessed 15 June 2015.

Sarker, S. 2013. Testicular and epididymal ultasonography for the assessment of semen quality in the indigenous ram. A thesis submitted to Bangladesh Agricultural University, Mymensingh.

Torell, R., Bruce, B., Kvasnicka, B. and Conley, K. 2003. Methods of determining age of cattle. Cattle Producer's Library - CL 712. http://avc-beef.org/AgingCattle-Griffin/AgingCattle-CL712.pdf, date assessed 15 June 2015.

Vásquez L., Vera, O. and Arango, J. 2003. Testicular growth and semen quality in peripuberal Brahman bulls. Livestock Research for Rural Development 15 (10). Retrieved August 14, 115, from http://www.lrrd.org/lrrd15/10/vasq1510.htm.

Wildeus, S. and Entwistle, K. W. 1982. Post pubertal changes in gonodal and extragonodal sperm reserves in *Bos indicus* strain bulls. Thoriogenology 17: 655-667.

CARACTERISATION PHENOTYPIQUE DES POPULATIONS LOCALES DE POULETS (GALLUS GALLUS DOMESTICUS) AU TOGO

Dao B[1], Kossoga A[1], Lombo Y[1], Ekoué S[1], Talaki E[2], Dayo G K[3], Bonfoh B[1]
[1]Institut Togolais de Recherche Agronomique (ITRA), BP 1163, Lomé, Togo
[2]Ecole Supérieure d'Agronomie (ESA), Université de Lomé, Togo;
[3]Centre International de recherche-Développement sur l'Elevage en zone Subhumide (CIRDES)
01 BP 454 Bobo-Dioulasso, Burkina Fa-so

Resume

L'étude a été conduite du 19 Août au 27 septembre 2013 dans cinq zones agro-écologiques du Togo. L'objectif était de caractériser les popula-tions locales de poules (Gallus gallus domesticus) en se basant sur les différents phénotypes. Pour ce faire, un échantillon de 750 poules adultes dont 600 poules et 150 coqs issus de 30 cantons a été constitué. Chaque poule a été décrite par observation directe puis le poids et les mensura-tions corporelles ont été enregistrés. Une grande variabilité phénotypique dans la coloration et le type du plumage des poules a été observée. Les couleurs de plumage les plus rencontrées sont : le perdrix doré (16,7%), le caillouté (11,3%) chez la poule, le mille – fleur (28%), le rouge à queue noir (22%) et le blanc chez le coq. Trois types de plumage ont été observés: le lisse (96,3%), le soyeux (2,8%) et le frisé (0,9%) ont été décrits. L'emplument normal est très représenté (82%), mais d'autres empluments tels que le huppé (41%), le cou nu (0,83%), les tarses emplumés (0,33%) et les « barbe avec favoris » (0,22%) sont rencontrés. Les tarses des poules sont de coloration blanche (34%), jaunes (30%), gris (26,83 %) et noires (9,17%). La coloration des yeux des poules est surtout orangée (92,279%). Les crêtes de type simple sont dominantes (95,87%) tandis que le phénotype « polydactyle » est rencontré à une fréquence de 2,8%. Un dimorphisme sexuel pour le poids vif a été observé car les poids moyens sont de 1088,62g ± 244,26 et 1540,81g ±399,74 respectivement chez les poules et les coqs. D'une manière générale, les poules de la Savane Sèche présentent un format et un poids plus élevés que ceux des autres zones. Le format et le poids des poules diminuent suivant un gradient allant du nord au sud du pays.

Mots clés : Caractérisation phénotypique, Poules locale, Zones agro-écologiques, Togo.

PHENOTYPIC CHARACTERISATION OF LOCAL CHICKEN (GALLUS GALLUS DOMESTICUS) POPULATIONS IN TOGO

Abstract

The study was conducted from August 19 to September 27, 2013 in five agro-ecological zones in Togo. The objective was to characterize local chicken (Gallus gallus domesticus) populations based on their different phenotypes. To do so, a sample of 750 adult chickens comprising of 600 hens and 150 cocks from 30 cantons was formed. Each chicken was described by direct observation, and weight and body measurements were recorded. A large phenotypic variability in colours and plumage types was observed. The most common plumage colors were: partridge gold (16.7%), mottled (11.3%) for hens, millefleur (28%), red-tailed black (22%) and white for cocks. Three types of feathers were observed: smooth (96.3%), silky (2.8%) and frizzle (0.9%). The normal plumage was highly represented (82%), but other plumages such as the crested head (41%), naked neck (0.83%), feathered tarsi (0.33%) and bearded with side burns (0.22%) were also observed. Hens' tarsi were white (34%), yellow (30%), gray (26.83%) and black (9.17%). The color of hens'eyes was mostly orange (92.279%). Simple crests were dominant (95.87%) while the "polydactyl" phenotype was observed with a frequency rate of 2.8%. Sexual dimorphism in body weight was observed since average weights were 1088.62g ± 244.26 and 1540.81g ±399.74 for hens and cocks respectively. In general, hens from the dry savannah were larger and heavier than those from other areas. The size and weight of hens decrease following a downward gradient from the north to the south in the country.

Corresponding author email: balabadidao@gmail.com

Keywords: phenotypic characterization, local chicken, agro-ecological areas, Togo.

Introduction

Au Togo, comme dans la plupart des pays de la sous-région, l'aviculture familliale occupe une importante place dans les stratégies de lutte contre la pauvreté (Ayssiwede *et al.,* 2013 ; Dessie *et al.,* 2011 ; Bebay, 2006,). Elle constitue aussi, une source de revenus pour les ménages agricoles et joue un rôle important sur les plans religieux, social et culturel (Ayssiwede *et al.,* 2013, Guèye, 2010 ; Mandal *et al.,* 2006 ; Alders *et al.,* 2005 ; Missohou *et al.,* 2002 ; Tadelle *et al.,* 2001). Ces dernières décennies, avec la forte urbanisation des zones rurales, se développe l'aviculture moderne d'initiative privée dont la principale spéculation est la production d'œufs et la chair impliquant d'importants moyens techniques et financiers hors de la portée des paysans. Malgré la concurrence de cette aviculture moderne, l'aviculture traditionnelle continue de permettre aux populations particulièrement aux femmes de gagner leur vie dans des zones inhospitalières.

Le Togo dispose de ressources génétiques animales domestiques aviaires très diversifiées et bien adaptées aux conditions du milieu. La préservation durable de ces ressources génétiques nécessite qu'elles soient caractérisées et inventoriées. La caractérisation de la poule locale est entreprise dans certains pays de la sous-région : Benin (Youssao *et al.,* 2010), Centrafrique (Bembide *et al.,* 2013), Cameroun (Fosta *et al.,* 2010, Haoua, 2010), Congo Brazaville (Akouango *et al.,* 2004), Côte d'Ivoire (Yapi-Gnaoré *et al.,* 2010), Ethiopie (Aberra *et al.,* 2011) Ghana (Osei-Amponsah *et al.,* 2010, 2013), Sénégal (Missohou *et al.,* 1998) et Tunisie (Bessadok *et al.,* 2003). A l'instar de ces pays, la présente étude a eu pour objectif de faire la caractérisation phénotypique des populations de poules locales (Gallus gallus domesticus), espèce de volailles la plus élevée par les familles pauvres, rurales comme urbaines du Togo.

Matériel et Méthodes

Zone d'étude

L'étude a été conduite au Togo, un pays de 56 600 km² de l'Afrique de l'Ouest localisé entre le Burkina Faso au Nord, le Golfe du Bénin au Sud, le Bénin à l'Est et le Ghana à L'Oust (Fig.1).

Le Togo se caractérise par une grande diversité de climats et de végétations. Il est situé dans la zone intertropicale et présente trois zones climatiques : (i) une zone subéquatoriale (de la côte au 8e parallèle Nord) avec deux saisons de pluies d'avril à juillet puis d'octobre à novembre ; (ii) une zone de transition guinéo-soudanienne située entre le 8e au 10e parallèle Nord au sein de laquelle le caractère bimodal du régime pluviométrique s'estompe pour laisser place à une saison de pluies étalée entre avril et octobre et (iii) une zone soudanienne de type semi-aride avec une seule saison de pluies entre mai et octobre et une longue saison sèche marquée par l'harmattan (vent sec du nord-est chargé de poussières sahariennes). Les températures annuelles moyennes varient entre 25 et 30°C. Le Togo reçoit en moyenne 1151 mm de pluie par an, avec une variation interrégionale plus ou moins marquée.

Le territoire togolais peut être découpé en cinq zones agro-écologiques où sont fortement liées les activités agricoles, économiques et les potentialités géographiques. Du Nord au Sud, on a : (i) la zone agro-écologique de la Savane sèche, (ii) la zone agro-écologique de l'Atakora, (iii) la agro-écologique de la Savanes humide, (iv) la zone agro-écologique de la forêt et (iv) la zone agro-écologique du littoral (Fig.1). L'étude a été conduite dans ces cinq (5) zones agro-écologiques.

Méthodes

Procédure d'échantillonnage

En vue de choisir les élevages susceptibles d'abriter les poules locales de race

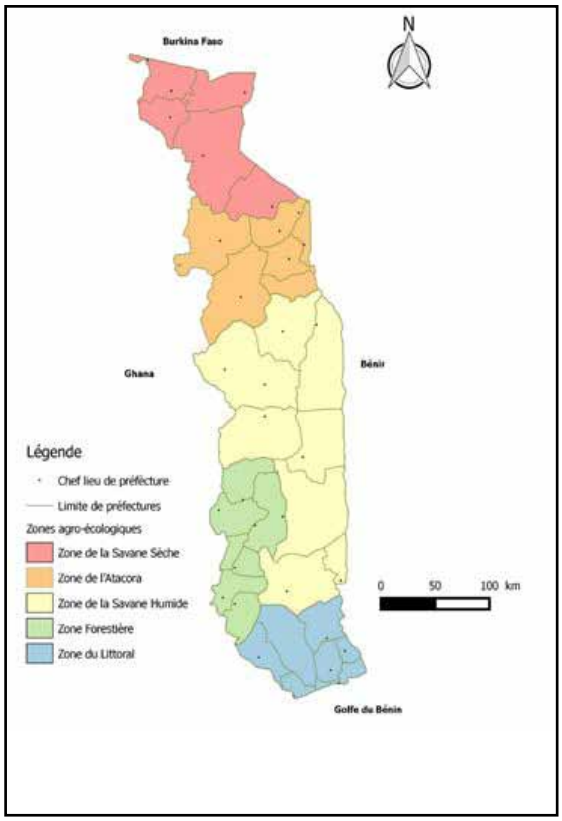


Figure 1 : Zones agro-écologiques

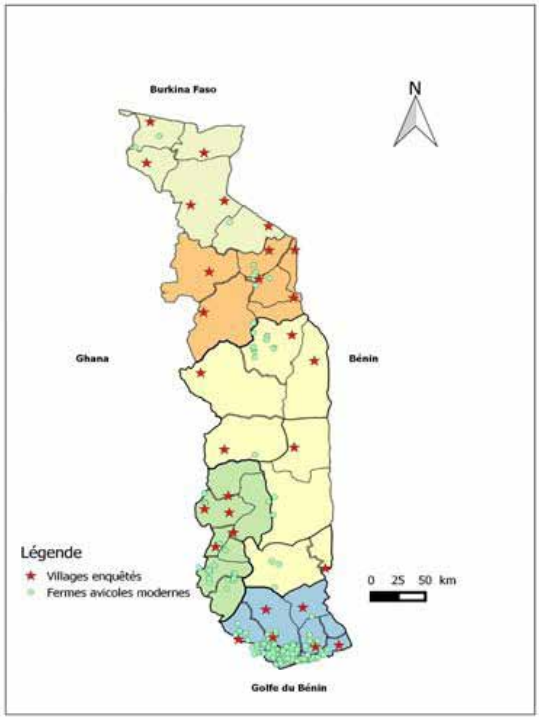


Figure 2 : Localisation des sites d'enquête par rapport aux fermes modernes

« pure », une carte de répartition géographique des fermes avicoles modernes a servi de support de base. L'idéal a été de choisir les villages les plus éloignés possibles des fermes avicoles modernes. Sur cette base, dans chacune des zones agro-écologiques, six villages (Figure 2) distants d'au moins 20 km l'un de l'autre ont été retenus. Au niveau de chaque village, cinq (5) élevages possédant, au moment de l'étude, un effectif d'au moins dix sujets en âge de reproduction ont été sélectionnés. Au niveau de chaque élevage, cinq sujets ont fait l'objet de l'étude.

Collecte des données

La collecte de données s'est déroulée du 19 août au 27 septembre 2013 dans les cinq (5) zones agro-écologiques du Togo. Au total, un échantillon de 750 poules (150 coqs et 600 poules) issu de 150 ménages de 30 cantons à raison de 6 villages par zone agro-écologique a été constitué. Chaque oiseau choisi a été décrit phénotypiquement. Les caractéristiques visuelles ont porté sur : (i) le type de plumage et la répartition des plumes, (ii) la couleur du plumage, du tarse, de la peau, des oreillons et des yeux, (iii) le type de crête et (iv) l'existence ou non d'un 5e doigt. Les caractères morphométriques ont été déterminés à partir de pesées et des mensurations corporelles des sujets (poids vifs, longueur du corps, périmètre thoracique, etc.). Le poids vif a été déterminé à l'aide d'une balance électronique de portée 5 kg et de précision 1 gramme. Les mensurations, effectuées à l'aide d'un mètre ruban gradué au millimètre, ont concerné :

- La longueur du corps: distance entre le bout de la mandibule supérieure et celui de la queue (sans plume) ;
- Le périmètre thoracique: circonférence de la poitrine prise en dessous des ailes et au niveau de la région saillante du bréchet ;
- La longueur de l'aile: longueur de l'aile étendue depuis la jonction de l'humérus à la colonne vertébrale jusqu'au bout de l'aile (sans plume) ;
- La longueur du tarse.

Enfin, une photographie de chaque poule a été prise afin de réaliser une description plus précise du plumage.

Analyse des données

Une analyse descriptive (fréquences, coefficients de variation, etc.) des données qualitatives de la caractérisation phénotypique a été faite à l'aide du logiciel SPSS version 16.0. Les coefficients de corrélation entre les différentes variables quantitatives et le poids vif ont été déterminés de même que la régression linéaire du poids sur le périmètre thoracique et la longueur du tarse. Une analyse factorielle discriminante portant uniquement sur les données des femelles est faite sur le tableau disjonctif complet des caractères avec le modèle stepwise (élimination des variables pas à pas) descendant. Les caractères permettant de faire une distinction entre les zones ont été utilisés pour réaliser la classification ascendante hiérarchique en se basant sur la distance de Mahalonobis. Les zones agro-écologiques ont été agrégées selon la méthode de Ward avec la troncature automatique. Cette analyse a été faite avec le logiciel XLSTAT.

Résultats

Caractères qualitatifs

Type de plumage

Trois principaux types de plumages sont rencontrés dans les cinq zones agro-écologiques. Il s'agit de : (i) plumage lisse (Fig. 3a) rencontré sur 96,3% des poules, (ii) plumage soyeux (Fig. 3b) observé sur 2,8% et (iii) le plumage frisé (fig. 3c) observé sur 0,9% (Tableau 1). Les plumes en brin de balai (soyeux) sont observées dans des proportions relativement plus élevées dans la Savane Sèche (6,7%) et dans la Zone Forestière. Le plumage frisé est plus fréquent dans la zone du Littoral (2%).

Répartition des plumes

La répartition régulière (normale) des plumes sur le corps de la poule est la plus représentée au sein des populations avec 82% des poules (Tableau 2). La huppe (Fig.4c) est présente dans 41% des individus et le cou nu (Fig.4b) ne représente que 0,83 % des effectifs. Les autres caractères rencontrés sont les tarses emplumés (fig.4 d), les « barbe avec favoris » (Fig.4 e) et « botte de vautour » (Fig.4f). Le caractère cou nu est plus rencontré dans la Savane humide (1,67%) et dans la Forêt (2,50%).

Couleur des plumes

Les populations locales de poules des différentes zones agro-écologiques présentent une grande variété (coloris) de plumage. Au total, il a été dénombré 28 coloris chez la poule contre 23 chez le coq. Les couleurs de plumage les plus observées (Fig. 5) chez l'oiseau sont : Perdrix doré, Caillouté, Blanc, Perdrix argenté, Blanc sale, Mille-fleurs, Fauve, Noir, Rouge à queue noire et Noir à camail doré. En considérant le sexe, les couleurs de plumage les plus rencontrées chez la poule sont le perdrix doré (16,7%), le caillouté (11,3%), le fauve (7,83%) tandis que chez le coq, le mille – fleur (28%), le rouge à queue noir (22%) et le blanc (10%) sont les plus représentatifs. En rapport avec les zones –agro-écologiques, les principaux plumages qui se dégagent sont récapitulés dans le tableau 3.

i. En Savane Sèche, les plumages les plus rencontrés sont : le perdrix doré (12%), le caillouté (11,33%) et le blanc et le coucou argenté (9,33%), le mille – fleurs (8,67%) et le perdrix argenté (7,33%) ;
ii. Dans l'Atakora, les couleurs les plus prédominantes sont : le plumage caillouté (17,33%), le blanc (12,67%), le perdrix doré (12,67%) et le blanc sale (9,33%) ;
iii. Pour ce qui concerne la zone agro-écologique Savane Humide, outre le plumage perdrix doré (13,33%), les plus rencontrés sont le plumage blanc (11,33%) et le caillouté (10%);
iv. En zone forestière, les plumages les plus rencontrés sont le perdrix doré (18%), le noir à camail doré (12%) et le plumage mille – fleurs (10,67%) ;



a. Plumage lisse



b. Plumage soyeux



c. Plumage frisé

Figure 3: Différents types de plumage des poules (Photo Ekoué & Kossoga)



a. Poulets à plumage normal



b. Poulets à cou nu



c. Poules huppées



d. Poules barbues avec favoris



e. Coqs avec tarses emplumés



f. Coq avec botte de vautour

Figure 4 : Répartition des plumes sur les poules




a. Plumage perdrix doré




b. Plumage caillouté




c. Plumage blanc




d. Plumage perdrix argenté




e. Plumage mille -fleur



f. Plumage rouge à queue noire



g. Plumage fauve



h. Plumage noir



i. Plumage blanc sale



j. Plumage noir à camail doré

Figure 5: Différentes couleurs (variétés) de plumage des poules



Figure 6: Différentes couleurs des tarses des poules



Figure 7 : Patte polydactyle

v. Dans la dernière zone agro-écologique, le littoral, chez la poule, les trois plus importants plumages rencontrés sont le perdrix doré (12%), le fauve (9,33%) et le perdrix argenté (9,33%).

Couleurs des tarses, de la peau, des oreillons et des yeux

Les tarses des poules (Tableau 4 et Fig. 6) sont majoritairement blancs ((34%), jaunes (30%), gris (26,83 %) et noirs (9,17 %). Les poules à tarses blancs sont plus rencontrées dans la zone agro-écologique Savane sèche (55,33%) tandis dans les zones forestières et du littoral les tarses jaunes prédominent (43%).

La couleur de la peau (Tableau 5) est blanche chez 76% et jaune chez 23,9% des poules. La couleur jaune de la peau est observée à une fréquence plus élevée dans la Savane Humide et les zones Forestière et du Littoral que dans les autres zones agro-écologiques.

La couleur des oreillons (Tableau 6) est blanc-rouge chez 46% des poules observées, blanche chez 24,8% des poules, rouge chez 17,47%, jaunâtre chez 6,67% et noire chez 2,67%. Le tableau 6 montre une fréquence de la couleur jaunâtre des oreillons relativement plus élevée dans la Savane humide et les zones Forestière et du Littoral contrairement à celle de la couleur blanc-rouge qui est plus élevée dans la Savane Humide et dans l'Atakora.

La couleur orange des yeux est prédominante (92,27%) chez les poules. Le brun (5,07%), le jaune (2,27%) et le gris (0,40%) ont été aussi rencontrés (tableau 7).

Présence de polydactylie et de l'ergot ou éperon

La polydactylie (Fig.13) est en général faible. Ainsi, seul 2,8% des poules présentent ce caractère de polydactylie au niveau national. Le caractère semble relativement élevé dans la Savane sèche (9%). En ce qui concerne la présence d'ergot, une proportion infime (0,9%) des poules porte l'éperon sur l'une ou les deux pattes. Ce caractère est observé sur 2% des poules dans la zone de la Savane Humide et sur 2,67% de poules dans la zone du Littoral.

Type de crêtes

La crête des poules (Tableau 8 et Fig.8) est à prédominance simple (95,9%). Les autres types de crête rencontrés dans de faibles proportions sont : crête en rose (0,80%), crête double (0,80%), crête en pois (2,40%).

Caractères quantitatifs

Les données du périmètre thoracique, de la longueur du corps, de la longueur du tarse, de la longueur de l'aile et du poids vif ont été analysées séparément pour les coqs et les poules.

Périmètre thoracique

L'analyse des données du périmètre thoracique montre que les poules de la Savane Sèche sont significativement différentes de celles des autres zones et que celles du Littoral ont le plus petit format (Tableau 9).

Longueur du corps

Les poules de la Savane Sèche et de la zone Forestière possèdent un corps significativement plus long que celles des zones du Littoral et de la Savane Humide (Tableau 10) dont les longueurs du corps ne sont pas significativement différentes. Longueur du tarse

Les oiseaux sont plus hauts sur pattes dans la Savane Sèche et plus courts dans la zone du Littoral (tableau 11). En effet, la différence entre les valeurs pour les deux zones est significative à 5%. Par ailleurs, la différence de la longueur du tarse entre les coqs et les poules est d'environ 2 cm dans toutes les zones.

Longueur de l'aile

Les oiseaux de la Savane Sèche ($p< 0,05$) ont une grande envergure que ceux du Littoral, la différence étant de 1,6 cm entre les moyennes des deux zones. Cette différence est plus marquée chez les coqs que les poules (tableau 12).

Poids vif

Le tableau 13 montre que les poules sont plus lourdes ($p<0,05$) dans la Savane Sèche où les poids moyens sont de 1605 g pour les coqs et de 1179 g pour les poules. Dans toutes les zones on note un dimorphisme sexuel. Dans la zone du Littoral le poids moyen est inférieur à un (1) kilogramme. Il n'existe aucune différence entre le poids des coqs des différentes zones agro-écologiques. Mais au niveau des poules, il existe une différence statistiquement significative entre le poids des poules de la Savane sèche et celui des poules des autres zones.

D'une manière générale, les oiseaux de la Savane Sèche présentent un format et un poids plus élevés que ceux des autres zones. Le format et le poids des oiseaux diminuent suivant un gradient nord - sud.

Corrélation entre variables quantitatives

Le tableau 14 présente la corrélation entre le poids vif et les différentes mensurations des poules. Il apparaît une corrélation hautement significative ($p<0,01$) et très forte ($r=0,86$) entre le poids vif et le périmètre thoracique d'une part et entre la longueur du tarse et la longueur de l'aile d'autre part ($r=0,82$). Par ailleurs, le poids vif est aussi significativement ($p< 0,01$) et fortement corrélé à la longueur du tarse ($r=0,78$). Analyse multivarié des caractéristiques phénotypiques des poules

L'analyse factorielle discriminante a porté uniquement sur les données des poules, étant donné qu'aucune différence significative n'est observée entre les valeurs des caractéristiques des coqs des 5 zones. Elle a été faite avec le tableau disjonctif complet des caractères dont 5 qualitatifs (type de plumage, type de crête, couleur de la peau, couleur des oreillons et polydactylie) et 4 quantitatifs (périmètre thoracique, longueur du tarse, longueur de l'aile et poids vif). Le modèle stepwise descendant (élimination des variables pas à pas) a été utilisé.

Cette analyse a fourni un classement des caractères suivant leur importance dans la distinction entre les zones. Ainsi, les 11 premiers caractères retenus sont : le plumage soyeux, le plumage frisé, la couleur blanche de la peau, la couleur rouge des oreillons, la couleur rouge-blanc des oreillons, la crête simple, la polydactylie, le périmètre thoracique, la longueur du tarse, la longueur de l'aile et le poids vif des poules.

La distance de Mahalonobis (Tableau 15) a été utilisée pour réaliser la classification ascendante hiérarchique des zones agro-écologiques. Ce tableau montre qu'en considérant les différentes variables qualitatives et quantitatives des poules, la Zone Forestière est la plus proche de la Savane Humide et que la zone de la Savane sèche est la plus éloignée de la Zone du Littoral.

Ces distances de Mahalonobis ont été utilisées dans la classification hièrarchique ascendante des différentes zones. Ces zones ont été agrégées selon la méthode de Ward avec la troncature automatique (Figure 9).

Cette figure montre qu'il existe 3 sous-populations de poules au Togo :

a. La sous-population du nord-Togo (Savane Sèche) : Elle se caractérise par : (i) l'importance numérique des poules au plumage soyeux, à peau blanche ou polydactyles ; (ii) la rareté des poules au plumage frisé, à crête simple ou aux oreillons rouges et (iii) des poules lourdes et de grande taille ;
b. La sous-population du centre et du sud-Togo est caractérisée par : (i) la rareté des poules polydactyles, au plumage soyeux ou frisé ou à peau blanche, (ii) l'abondance des poules à crête simple et (iii) des poules de petite taille, légères à mi-lourds ;
c. La sous-population de l'Atakora qui se caractérise par : (i) des poules de dimensions moyennes et mi-lourds, (ii) la rareté des poules au plumage soyeux ou frisé.

Tableau 1 : Fréquence par zone du type de plumage

Zone agro-écologique	Lisse		Frisé		Soyeux	
	n	%	n	%	n	%
Savane sèche	139	92,67	1	0,67	10	6,67
Atakora	147	98,00	1	0,67	2	1,33
Savane humide	146	97,33	1	0,67	3	2,00
Forêt	145	96,67	1	0,67	4	2,67
Littoral	145	96,67	3	2,00	2	1,33
Pays	722	96,27	7	0,93	21	2,80

Tableau 2 : Fréquences des types de plumages par zone agro-écologique

Zones agro-écologiques	Botte		Cou nu		Normal		Huppe		Barbes et favoris		Tarses emplumés	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Savane sèches	2	0,83	0	0,00	104	86,67	43	35,83	0	0,00	1	0,83
Atakora	0	0,00	0	0,00	99	82,50	50	41,67	1	0,83	0	0,00
Savane humide	0	0,00	2	1,67	89	74,17	58	48,33	0	0,00	1	0,83
Forêt	0	0,00	3	2,50	95	79,17	52	43,33	0	0,00	0	0,00
Littoral	0	0,00	0	0,00	107	89,17	43	35,83	0	0,00	0	0,00
Pays	2	0,33	5	0,83	494	82,33	246	41,00	1	0,02	2	0,33

N= taille de l'échantillon (150) ; n= effectif du caractère

Tableau 3 : Fréquence de la couleur du plumage chez les poules par zone agro-écologique

Couleur de plumage	Zone agro-écologique											
	Savane Sèche		Atakora		Savane Humide		Forêt		Littoral		Pays	
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%
Blanc	14	9,33	19	12,67	17	11,33	5	3,33	6	4,00	61	8,13
Blanc sale	9	6	14	9,33	14	9,33	9	6,00	7	4,67	53	7,07
Caillouté	17	11,33	26	17,33	15	10,00	10	6,67	6	4,00	74	9,87
Coucou argenté	14	9,33	4	2,67	5	3,33	3	2,00	3	2,00	29	3,87
Fauve	6	4	10	6,67	8	5,33	10	6,67	14	9,33	48	6,40
Gris	2	1,33	1	0,67	0	0,00	0	0,00	0	0,00	3	0,40
Mille-fleurs	13	8,67	4	2,67	10	6,67	16	10,67	10	6,67	53	7,07
Noir	11	7,33	4	2,67	3	2,00	10	6,67	12	8,00	40	5,33
Perdrix doré	18	12	19	12,67	20	13,33	27	18,00	18	12,00	102	13,60
Perdrix argenté	11	7,33	7	4,67	11	7,33	11	7,33	14	9,33	54	7,20
Rouge à queue noire	4	2,67	7	4,67	8	5,33	7	4,67	11	7,33	37	4,93
Noir à camail doré	0	0	3	2	2	1,33	18	12,00	12	8,00	35	4,67
Total	150	100	150	100	150	100,00	150	100,00	150	100,00	750	100,00

Tableau 4 : Fréquence (en pourcentage) de la couleur des tarses des poules par zone agro-écologique

Coloration	Savane sèches		Atakora		Savane humide		Forêt		Littoral		Pays	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Blanc	83	55,33	62	41,33	49	32,667	40	26,67	41	27,33	275	34,00
Gris	31	20,67	35	23,33	42	28	34	22,67	35	23,33	177	26,83
Jaune	19	12,67	39	26	50	33,333	65	43,33	65	43,33	238	30,00
Noir	17	11,33	14	9,33	9	6	11	7,33	9	6,00	60	9,17
Total Pays	150	100	150	100	150	100	150	100	150	100	750	100

Tableau 5 : Fréquence (en pourcentage) de la couleur de la peau par zone agro-écologique

Coloration	Savane sèches		Atakora		Savane humide		Forêt		Littoral		Pays	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Blanc	136	90,67	125	83,33	114	76	91	60,66	104	69,33	570	76
Jaune	14	9,33	24	16	36	24	59	39,33	46	30,67	179	23,87
Rose	0	0	1	0,67	0	0	0	0	0	0	1	0,13
Total Pays	150	100	150	100	150	100	150	100	150	100	750	100

Tableau 6 : Fréquence de la couleur des oreillons par zone agro-écologique (%)

	Savane sèches		Atakora		Savane humide		Forêt		Littoral		Pays	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Blanc	49	32,67	33	22	36	24,00	31	20,67	37	24,67	186	24,8
Gris	1	0,67	0	0	2	1,33	2	1,33	3	2,00	8	1,07
Inexistant	5	3,33	3	2	1	0,67	1	0,67	0	0,00	10	1,33
Jaune	1	0,67	3	2	12	8,00	16	10,67	18	12,00	50	6,67
Noir	3	2,00	6	4	5	3,33	4	2,67	2	1,33	20	2,67
Rouge	12	8,00	25	16,67	36	24,00	34	22,67	24	16,00	131	17,47
Rouge - blanc	79	52,67	80	53,33	58	38,67	62	41,33	66	44,00	345	46,00
Total Pays	150	100	150	100	150	100	150	100	150	100	750	100

Tableau 7: Fréquence de la couleur des yeux par zone agro-écologique

Couleur	Savane sèches		Atakora		Savane humide		Forêt		Littoral		Pays	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Brun	7	4,67	10	6,67	7	4,67	8	5,33	6	4,00	38	5,07
Gris	1	0,67	0	0,00	0	0,00	2	1,33	0	0,00	3	0,40
Jaune	0	0,00	1	0,67	4	2,67	5	3,33	7	4,67	17	2,27
Orange	142	94,67	139	92,67	139	92,67	135	90,00	137	91,33	692	92,27
Total Pays	150	100	150	100	150	100	150	100	150	100	750	100

Tableau 8 : Fréquence (%) des types de crête des poules

	Savane sèches		Atakora		Savane humide		Forêt		Littoral		Pays	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Double	4	2,67	0	0	2	1,33	0	2,67	0	0	6	0,80
En pois	14	9,33	2	1,33	1	0,67	1	9,33	0	0	18	2,40
Rudimentaire	1	0,67	0	0	0	0	0	0,67	0	0	1	0,13
Simple	129	86	147	98	146	97,33	148	86	149	99,33	719	95,87
En rose	2	1,33	1	0,67	1	0,67	1	1,33	1	0,67	6	0,80
Total Pays	150	100	150	100	150	100	150	100	150	100	750	100

Tableau 9 : Comparaison du périmètre thoracique des poules entre les zones

Sexe	Savane Sèche	Zone de l'Atakora	Savane Humide	Zone Forestière	Zone du Littoral
Coq	31,53x^{a}	31,27^{a}	30,87^{a}	31,67^{a}	30,75^{a}
Poule	29,42^{a}	28,38^{bc}	27,61^{cd}	28,98^{b}	26,97^{d}
Total Pays	29,84^{a}	28,96^{b}	28,26^{c}	29,20^{b}	27,73^{c}

Les valeurs suivies de différentes lettres sur une même ligne sont différents (p<0.05)

Tableau 10 : Comparaison de la longueur du corps (cm) des poules entre les zones

Sexe	Savane Sèche	Zone de l'Atakora	Savane Humide	Zone Forestière	Zone du Littoral
Coq	40,77^{a}	40,57^{a}	39,83^{a}	41,07^{a}	39,63^{a}
Poule	36,30^{a}	35,96^{a}	35,01^{b}	35,94^{a}	34,53^{b}
Total Pays	37,19^{a}	36,88^{a}	35,97^{b}	36,97^{a}	35,55^{b}

Les valeurs suivies de différentes lettres sur une même ligne sont différents (p<0.05)

Tableau 11 : Comparaison de la longueur du tarse (cm) des poules entre les zones

Sexe	Savane Sèche	Zone de l'Atakora	Savane Humide	Zone Forestière	Zone du Littoral
Coq	10,183^{a}	9,883^{ab}	9,483^{b}	9,917^{ab}	9,283^{b}
Poule	8,062^{a}	7,900^{ab}	7,587^{cd}	7,767^{bc}	7,404^{d}
Total Pays	8,447^{a}	8,297^{b}	7,967^{c}	8,197^{b}	7,780^{d}

Les valeurs suivies de différentes lettres sur une même ligne sont différents (p<0.05)

Tableau 12 : Comparaison de la longueur de l'aile (cm) des poules entre les zones

Sexe	Savane Sèche	Zone de l'Atakora	Savane Humide	Zone Forestière	Zone du Littoral
Coq	20,20^{a}	19,70^{ab}	18,83^{bc}	19,53^{ab}	17,97^{c}
Poule	17,01^{a}	16,56^{ab}	15,88^{cd}	16,15^{bc}	15,53^{d}
Total Pays	17,65^{a}	17,19^{b}	16,47^{d}	16,83^{c}	16,02^{e}

Les valeurs suivies de différentes lettres sur une même ligne sont différents (p<0.05)

Tableau 13 : Comparaison des poids vifs (g) des poules suivant les zones et le sexe

Sexe	Savane Sèche	Zone de l'Atakora	Savane Humide	Zone Forestière	Zone du Littoral
Coq	1605,10[a]	1562,43[a]	1500,10[a]	1585,10[a]	1451,33[a]
Poule	1178,80[a]	1132,87[ab]	1083,57[b]	1102,11[ab]	946,23[c]
Moyenne	1263,66[a]	1194,17[b]	1166,87[b]	1223,31[ab]	1047,25[c]

Les valeurs suivies de différentes lettres sur une même ligne sont différents (p<0.05)

Tableau 14 : Corrélations entre les différentes mensurations et le poids des poules

	Poids vif	LA	LC	LT
Périmètre thoracique	0,86	0,69	0,70	0,68
Longueur du tarse (LT)	0,78	0,82	0,78	
Longueur du corps (LC)	0,77	0,75		
Longueur de l'aile (LA)	0,74			

Tableau 15 : Distances de Mahalonobis entre les zones

	Zone du Littoral	ZF	SH	ZA
Savane Sèche	3,515	2,776	2,821	1,229
Zone de l'Atakora (ZA)	1,185	0,914	0,756	
Savane Humide (SH)	0,621	0,567		
Zone Forestière (ZF)	0,862			

Discussions

La description des caractéristiques morphologiques a ressorti une grande diversité du phénotype des populations locales de poules au Togo. Cette diversité phénotypique est caractéristique des poulets locaux et indique la présence de plusieurs mutations morphologiques qui résultent de la domestication et du mode de reproduction incontrôlé (Mahammi, 2014). Cette diversité de couleur du plumage observée chez les poules du Togo, a été aussi observée en Centrafrique (Bembide *et al.,* 2013), en Côte d'Ivoire (Yapi-Gnaoré *et al.,* 2010), au Bénin (Chabi -Toko, 2008), au Cameroun (Fotsa et al, 2010, Keambou *et al.,* 2007) et au Congo Brazaville (Akouango *et al.,* 2004).

Les coloris sombres (Perdrix, caillouté, mille-fleurs) ont été des plumages les plus rencontrés dans les cinq (5) zones agro-écologiques du Togo. Ces coloris sombre semblent être un moyen de camouflage développé par les poules pour échapper aux différentes prédations, causes de leurs mortalités (Chabi-Toko, 2008). Ce serait des raisons, entre autres, pour lesquelles les aviculteurs traditionnels du Togo ont orienté leurs choix d'utiliser des reproductrices de coloration de type perdrix à l'instar de leurs homologues du Bénin (Chabi -Toko, 2008) et de la Côte d'Ivoire (Yapi-Gnaoré *et al.,* 2010). Ce type de coloration est aussi observé dans les élevages au Congo (Akouango *et al.,* 2004,) et au Cameroun (Fotsa, 2010).

En ce qui concerne la répartition des plumes, les phénotypes « cou nu », « frisé », « tarses emplumés », « huppé », « barbus avec favoris » et « botte de vautour », « polydactyle » et « brindille » qui sont des gènes à effets visibles ont été observés avec de faibles fréquences comme ce fut le cas au Cameroun (Fotsa *et al.,* 2007 ; Keambou et al. 2009, Keambou et al 2007). Tout comme en Côte d'Ivoire (Yapi-Gnaoré *et al.,* 2010), le plumage cou nu est plus rencontré dans la zone agro-écologique de la Forêt. Toutefois, la fréquence de cou nu rencontrée au Togo est inférieure à celle observée en

Centrafrique (Bembide C, 2013). Certains auteurs ont rapporté que le gène cou nu (Na) est un des gènes qui induisent une tolérance à la chaleur de la poule (Mérat, 1986) et en conditions chaudes, le phénotype « cou nu » est meilleur en production de viande et d'œufs que le phénotype normal (Coquerelle, 2000). Que ce soit en Centrafrique, au Cameroun, en Côte d'Ivoire ou au Togo, les fréquences de cou nu sont plus élevées en zone forestière par rapport aux zones de Savanes humides.

Dans cette étude, la fréquence de cou nu en Savane humide est supérieure à celle rencontrée en Savane sèche. La rareté de ce phénotype dans les zones agro-écologiques chaudes et sèches pourrait s'expliquer par le désintérêt qu'ont les éleveurs pour ces poules soit les jugeant trop vilaines, soit les considérant comme des fétiches (Bembide *et al.,* 2013) ou les traitant comme impropres à un sacrifice rituel ou à offrir en cadeau.

Des couleurs variées du tarse et de la peau ont été rapportées mais avec une nette prédominance de la peau et du tarse blanc comme d'autres auteurs l'ont observé (Missohou *et al.,* 1998 ; Fotsa *et al.,* 2007b; Keambou *et al.,* 2007 et Youssao *et al.,* 2010). Les poules aux tarses verts ou bleus aciers signalés au Cameroun (Keambou *et al.,* 2007) n'ont pas été observées dans la présente étude. Au Nigéria, la couleur du tarse des poulets est à majorité noire (Egahi *et al.,* 2010).

Les Tarses à coloration jaune sont observés à des proportions assez élevée comme en Centrafrique 8% (Bembide *et al.,* 2013). Selon Yassao et collaborateurs (2010) et Fotsa (2008), la coloration jaune résulterait de l'introduction des races exotiques dans la population des poules locales. Nos résultats confirment cette affirmation car les fréquences les plus élevées de la peau et du tarse à coloration jaunes sont plus rencontrées dans les zones agro-écologiques du littoral et de la Forêt, zones qui concentrent à elles seules plus de 95 % des fermes avicoles modernes et où les campagnes d'amélioration de la poule locale par croisement avec un coq exotique ont lieu jusque dans un passé récent.

Les poules locales possédant une proportion élevée d'oreillons blancs sont rapportées dans d'autres pays d'Afrique (Missohou, 1998 ; Yapi-Gnaoré et al. 2010 ; Egahi *et al.,* 2010). Dans la présente étude, les oreillons des poules sont de couleurs variées avec une prédominance du blanc centré rouge. Par ailleurs, plusieurs auteurs (Budubi *et al.,* 2006, Moges *et al.,* 2010) ont observé que les crêtes simples prédominent dans les populations des poules locales. Ces crêtes sont observées dans les mêmes proportions au Togo. Par contre, les crêtes en rosette sont rencontrées dans de faibles proportions par rapport à ce qui est rapporté au Cameroun (Keambou *et al.,* 2009).

Les poids moyen adulte des mâles de 1,54 kg et des femelles de 1,08 kg trouvé dans la présente étude ont été supérieurs aux poids moyens (1,17kg pour le coq et 0,96 kg pour la poule) trouvés au Bénin (Youssao *et al.,* 2010) et au Sénégal (Missohou, 1998). Par contre les poids moyens de 2,1 kg des coqs et de 1,4 kg des poules d'Ouganda (Ssewannyaana *et al.,* 2008) sont supérieurs à ceux trouvés dans cette étude. Il en est de même pour ceux trouvés au Cameroun (Fotsa, 2007) et au Maroc (Benabdeljelil et Bordas, 2005). Les résultats ont aussi montré que les coqs ont un poids supérieur à celui des poules. Cependant, aucune différence significative n'est notée entre les coqs des différentes zones agro-écologiques. Par contre, une différence statistiquement significative entre les poids des poules de la Savane sèche et les autres zones agro-écologiques est observée.

Toutes les mensurations corporelles considérées sont plus élevées chez les mâles. Les moyennes des mensurations sont plus élevées dans les zones agro-écologiques du nord-Togo que celles du Sud. Ce résultat est similaire à celui obtenu par Youssao et al. (2007) chez les poulets du Bénin. La longueur du tarse obtenue est cependant plus faible que celle des poules de la zone forestière du Cameroun (Fotsa, 2007) et du Sénégal (Missohou, 1998) qui sont respectivement de 9,1 cm et de 9,21cm.

Conclusion

La caractérisation phénotypique a révélé une remarquable variabilité de caractères chez les populations locales de poules des différentes zones agro-écologiques du Togo. Cette variabilité phénotypique est due à des gènes à effets visibles dont les interactions donnent un chromatisme plumeux très variable. Ce qui confère à ces populations de poules un important rôle socioculturel et rituel.

Une analyse moléculaire à travers l'usage des marqueurs microsatellites permettrait de mieux évaluer la diversité au niveau du génome des populations locales de poules et de la comparer avec les résultats obtenus dans d'autres populations avec les mêmes marqueurs. Les résultats de l'analyse moléculaire et de la caractérisation phénotypique permettront de créer des souches performantes, adaptées aux conditions d'élevage et de production locale, tout en ayant les caractères désirés par l'éleveur et offrant au consommateur des produits appréciés.

Remerciements

La «Caractérisation phénotypique et moléculaire des populations locales de poules au Togo» a été réalisée grâce à un financement des fonds du compte fiduciaire de la FAO à travers le Bureau de la Commission sur les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture.

Les auteurs voudront ici, remercier tous ceux qui ont contribué à l'élaboration et à la mise en œuvre des activités de cette étude et plus particulièrement :

- Monsieur le Ministre de l'Agriculture, de l'Elevage et de l'Hydraulique pour avoir accepté postuler et superviser cette étude ;
- Dr BATAWUI Komlan, Directeur de l'Elevage au Togo, pour le soutien apporté ;
- Mme Irène Hoffman, Chef de la sous-division des ressources génétiques animales, Division de la production et de la santé animales et le Dr Badi Besbes, fonctionnaire spécialiste en ressources zoogénétique, AGAG qui ont coordonné le projet ;
- Dr Bèdibètè Bonfoh, Direceteur Général de l'ITRA, Coordonnateur National des ressources génétiques animales au Togo, pour avoir supervisé les activités de terrain ;
- Dr Agbobli Comlan Atsu, ex Directeur Général de l'ITRA ;
- Dr Kpemoua Kossi, Directeur Scientifique de l'ITRA ;
- M. Labare Kodjo, ex Directeur Scientifique de l'ITRA ;
- M. Tsini Koku, Technicien de Laboratoire à l'Unité de Recherche en Santé Animale, ITRA ;
- Tous les éleveurs ayant participé à ce projet pour leur disponibilité ;
- l'Institut de Conseil et d'Appui Technique (ICAT) à travers les Techniciens Spécialisés en Elevage et les Conseillers Agricoles de pour leur concours à la réalisation de ce travail ;
- Monsieur le Représentant de la FAO au Togo,
- La FAO pour son précieux financement.
- Dr Yapi – Gnaoré Valentine, Directrice Générale du CIRDES.

Références

Aberra, M., Tegene, N., 2011. Phenotypic and morphological characterisation of indigenous chicken populations in southern region of Ethiopia, Animal Genetic Ressources, 49, 9 – 19. Doi : 10.1017/S2078633611000006.

Agbédé, G.B., Teguia, A., Manjeli, Y., 1995. Enquête sur l'élevage traditionnel des volailles au Cameroun : notes techniques. Tropicultura, 13, 22-24.

Akouango, F., Mouangou, F. et Ganongo, G., 2004. Phénotypes et performances d'élevage chez les populations locales de volailles du genre Gallus gallus au Congo Brazzaville. Cahiers Agricultures., 257-262.

Ayssiwede, S.B., Dieng, A., Houinato, M.R.B., Chrysostome, C.A.A.M., Issay, Hornick, J.-L., et Missohou, A., 2013. Elevage des poulets traditionnels

ou indigènes au Sénégal et en Afrique Subsaharienne : état des lieux et con train tes Ann. Méd. Vét, 157, 103-119

Bebey, C. E., 2006. Première évaluation de la structure et de l'importance du secteur avicole commercial et familial en Afrique de L'Ouest : synthèse des rapports nationaux (Bénin, Cameroun, Mali, Niger, Sénégal, Togo). Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture : Rome, 47 p.

Bembide, C., Hako - Touko, B.A., Manjeli, Y., et Keambou, Tiambo, C., 2013. Caractérisation morphobiométrique de la poule locale en Centrafrique. Animal Genetic Ressources, 2013, 53, 33-44. Doi : 10.1017/S2078633612000525.

Benabdeljelil, K. et Bordas, A., 2005 Prise en compte des préférences des éleveurs pour la caractérisation des populations locales de poulets au Maroc. Journées de la Recherche Avicole. (St Malo), 559- 562.

Bessadok, A. Khochlef, I., et El-Gazzah, M., 2003. Etat des ressources génétiques de la population locale du poulet en Tunisie. Tropicultura 21 (4): 167- 172.

Bordas, A., Tixier-Boichard, M., Rognon, X. and Benabdeljelil, K., 2004. Characterization and use of local poultry genetic resources in hotclimates. Book of abstracts of the XXII World's Poultry Congress. Istanbul, Turkey, June, 8-13.

Chabi -Toko, 2008. Caractérisation phénotypique et gestion de la population de poulets locaux dans les communes de Dassa et de Toffo au Bénin. Mémoire du Diplôme d'Etudes Approfondues (DEA), 74 p.

Coquerelle, G., 2000. Les poules, diversité génétique. Edition INRA 2000.

Dessie, T., Taye, T., Dana, N., Ayalew, W. et Hanote, O., 2011. Current state of knowledge on phenotypic characteristics of indigenous chickens in the tropics. World's Poultry Science Journal, Vol 67 (3) : 507 – 5016.

Egahi, J.O., Dim, N.I., Momoh, O.M. et Gwaza, D.S., 2010. Variations in quantitative traits in the Nigeria local chicken. Int. J. Poultry Sci. 9 (10) : 978 – 979.

El-Yuguda, A.D., Ngulde, I.S., Abubakar, M.B. et Baba, S.S. 2007. Indices de santé, de conduite et de production des poulets villageois dans des communautés rurales sélectionnées de l'Etat de Borno (Nigeria) Aviculture Familiale Vol. 17, No. 1&2, 42 -49

Fotsa, J-C., Rognon, X., Tixer-Boichard, M., Coquerelle, G., Poné-Kamdem, D., Ngou-Ngoupayou, J.D., Manjeli Y. et Bordas, A., 2010. Caractérisation phénotypique des populations de poules locales (Gallus gaallus) de la zone forestière dense humide à pluviométrie bimodale du Cameroun. Animal Genetic Ressources, 46, 46 - 59. Doi : i10.1017/S207863361000069X.

Fotsa, J-C., Bordas, A., Rognon, X., Tixier-Boichard, M., Poné Kamdem, D. & Manjeli Y., 2007. Caractérisation des élevages et des poules locales et comparaison en station de leurs performances à celles d'une souche commerciale de type label au Cameroun. Journées de la Recherche Avicole (Tours), 414-417.

Gueye, E.F., 2000. The role of family poultry in poverty alleviation, food security and the promotion of gender equality in rural Africa. Outlook Agric., 29, 129-136.

Halima, H., Neser F.W.C., Tadelle D., Van Marlekoster E., De Kock A. 2007. Village-based indigenous chicken production system in north-west Ethiopia. Trop. Anim. Health Prod., 39, 189-197.

Keambou, T. C. et Manjeli Y., 2009. Gènes NA, CR, PTI et R chez la poule de l'Ouest Cameroun. Arch. Zootec. 58 (1) : 625 : 628.

Keambou, T C, Manjeli, Y, Tchoumboue, J., Teguia, A. et Iroume, R N., 2007: Caractérisation morphobiométrique des ressources génétiques de poules locales des hautes terres de l'ouest Cameroun. Livestock Research for Rural Development. Volume 19. http://www.cipav.org.co/lrrd/lrrd19/8/keam19107.htm.

Mahammi, FZ, Gaouar, S.B.S., Tabet-Aoul, N., Tixier-Boichard, M., Saïdi-Mehtar, N., 2014. Caractéristiques morpho-biométriques et systèmes d'élevage des poules locales en Algérie occidentale (Oranie). Cah Agric 23: 1-11. doi: 10.1684/agr.2014.0722.

Maho, A., Ndeledje Gondje, N., Mopate, L.Y.et Kana, G., 2004. La maladie de Newcastle au sud du

Tchad : périodes de pic épidémique et impact de la vaccination. Rev. Sci. Tech. Off. int. Epiz., 23, 777-782.

Merat, P., 1986. Potential usefulnsess of the Na (naked neck) gene in poultry production. Wold's Poultry Science Jounal, 42: 124 – 142.

Missohou, A., Dieye P.N., et Talaki, E., 2002. Rural poultry production and productivity in Southern Senegal. Livest. Res. Rural Dev., 14, Adresse URL : http://www.cipav.org.co/lrrd/lrrd14/2/miss142.htm.

Missohou, A., Sow et Ngwe-Assoumou, C (1998) Caractéristiques morpho-biométriques de la poule du Sénégal. Animal Genetic Resources Information 24: 63-69.

Moges, F., Melesse, A. et Dessie, T., 2010. Assesment of village chicken production system and evaluation of the productive and the reproductive performance of the local ecotype in Bure district, North West Ethiopia. Afr. J. Agric. Res. 5 (13) : 1739 – 1748.

Osei-Amponsah, R., Kayang, B.B. and Naazie, A., 2013. Phenotypic and genetic parameters for production traits of local chickens in Ghana. Animal Genetic Ressources, 2013, 53, 45-50. Doi : 10.1017/S2078633612000525.

Osei-Amponsah, R., Kayang B.B. and Naazie, A., Osei, Y.D., Youssao, I. A. K., Yapi-Gnaoré, V.C., Tisier – Boichard, M. et Rognon, X., 2010. Genetic diversity of forest and Savana chicken population of Ghana as estimated by microsatellite markers. Animal Sci. J., 81 : 297 – 303.

Ssewannyaana, E., Ssali, A., Kasadha, T., Dhikusooka, M., Kasoma, P., Kalema, J., Kwatotyo, B. A. , et Aziku, L., 2008. On-fam characterization of indigenous chicken in Uganda. J. Anim. Plant Sci. 1(2) : 33 – 37.

Tadelle, D., et Ogle, B., 2001. Village poultry production systems in the central Highlands of Ethiopia. Trop. Anim. Health Prod., 33, 521-537.

Youssao, I. A. K., Tobada, P. C., Koutinhouin, B. G., Dahouda, M., Idrissou, N. D., Bonou, G. A., Tougan, U. P., Ahounou, S., Yapi-Gnaoré, V., Kayang, B., Rognon, X.and Tixier-Boichard, M., 2010. Phenotypic characterisation and molecular polymorphism of indigenous poultry populations of the species Gallus gallus of Savannah and Forest ecotypes of Benin. African Journal of Biotechnology Vol. 9 (3), pp. 369-381, Available online at http://www.academicjournals.org/AJB.

Yapi-Gnaore, C.V., Loukou, N. E., N'Guetta, A. S. P., Kayang, B., Xavier Rognon, X., Tixier-Boichard, M., Touré, G., Coulibaly, Y et Youssao, I., 2010. Diversité phénotypique et morphométrique des poulets locaux (Gallus gallus) de deux zones agro-écologique de Côte d'Ivoire. Cah Agric, vol. 19 • N° 6 • novembre-décembre 2010.

EFFECT OF BREED AND NON-GENETIC FACTORS ON PERCENTAGE MILK COMPOSITION OF DUAL-PURPOSE CATTLE IN ASHANTI REGION, GHANA

Coffie, I., Annor, S.Y., Kagya-Agyemang, J. K. and Bonsu, F. R. K.
Department of Animal Science Education, Faculty of Agriculture Education,
University of Education, Winneba, P.O. Box 40, Mampong-Ashanti.

Abstract

This study was done to determine the effect of breed and non-genetic factors on percentage milk composition of smallholders' dual-purpose cattle on-farm in the Ashanti Region. Fresh milk samples from various breeds of cows were assessed for percentage components of protein, fat, lactose, cholesterol, solid-non-fat and total solids using 72 cows from September 2012 to February 2014. The overall percentage milk composition across breed for protein, fat, lactose, cholesterol, solid-non-fat, total solid were 7.7 ± 0.07, 3.0 ± 0.02, 6.4 ± 0.04, 0.65 ± 0.01, 5.7 ± 0.02, 14.3 ± 0.03 respectively. The percentage milk components of dual purpose cows were significantly ($p<0.01$) influenced by breed and season. Parity and stage of lactation had little ($p>0.05$) effects on percentage compositon of fresh milk, however, the latter influenced ($p<0.01$) cholesterol levels. Gudali, and Sanga-Gudali crossbred had similar ($p>0.05$) percentage protein and fat whereas other breeds differed ($p<0.01$). Protein and solids-non-fat components were low ($p<0.01$) in major rains whilst lactose and total solids increased ($p<0.01$) with increasing intensity of rains. There were important interaction effects among breed, stage of lactation and season in percentage protein, fat, lactose and solid-non-fat components. It was concluded that breed influenced milk compositional yield and producers could select genotypes on production traits within environment comparable to where cows are intended to perform.

Keywords: breed, cows, milk composition, parity, season.

EFFET DE LA RACE ET DES FACTEURS NON GENETIQUES SUR LE POURCENTAGE DES COMPOSANTS DU LAIT DES BOVINS A DOUBLE FONCTION DANS LA REGION ASHANTI AU GHANA

Résumé

La présente étude a été réalisée dans le but de déterminer l'effet de la race et des facteurs non génétiques sur le pourcentage des composants du lait de bovins à double fonction de petites exploitations dans la région Ashanti. Des échantillons de lait frais issus de différentes races de vaches ont été étudiés pour déterminer les pourcentages des composants du lait - protéines, matières grasses, lactose, cholestérol, matières sèches non grasses et solides totaux - en utilisant 72 vaches, de septembre 2012 à février 2014. Les pourcentages totaux des composants du lait chez toutes les races de 7,7 ± 0,07 ; 3,0 ± 0,02 ; 6,4 ± 0,04 ; 0,65 ± 0,01 ; 5,7 ± 0,02 ; 14,3 ± 0,03 respectivement pour les protéines, la graisse, le lactose, le cholestérol, les matières sèches non grasses et les solides totaux. Les pourcentages des composants du lait de vaches à double fonction étaient significativement ($p <0,01$) influencés par la race et la saison. La parité et le stade de lactation avaient peu ($p> 0,05$) d'effets sur les pourcentages des composants du lait frais, cependant, le stade de lactation a influencé ($p <0,01$) les taux de cholestérol. Les pourcentages de protéines et de matières grasses étaient similaires ($p> 0,05$) pour les races Gudali et les croisées Sanga-Gudali, tandis que ceux des autres races étaient différents ($p <0,01$). Les protéines et les matières sèches non grasses étaient faibles ($p <0,01$) pendant la période très pluvieuse tandis le lactose et les solides totaux augmentaient ($p <0,01$) avec l'intensité croissante des pluies. L'on a noté des effets importants de l'interaction entre les races, du stade de lactation et de la saison sur le pourcentage des protéines, des matières grasses, du lactose et de composants solides non gras. Il a été conclu que la race avait une influence sur le rendement

Corresponding Author's email: ismailcoffie@gmail.com

des composants du lait, ainsi, les producteurs pourraient sélectionner dans leurs milieux les génotypes des caractères de production appropriés pour la performance spécifique recherchée.

Mots-clés : race, vaches, composition du lait, parité, saison.

Introduction

Milk is an essential food for humans and animals. Milk provides several physiological functions for neonates and hence requirements of milk for every species are very unique (Fox and McSweeney, 1998). Therefore milk composition of different breeds and species shows remarkable differences due to nutritional needs and individuality of animal (Schroeder, 2012). Nutritive value of milk is determined by the compositional yield and plays a crucial role in determining its merits of utilisation in making various dairy products. Although some studies have been done on percentage yield of fat and protein of some local cattle (Rege *et al.,* 1994; Aboagye, 2002), however comparative figures from other indigenous breeds especially N'dama, and White Fulani (taken into account other components such as lactose, cholesterol, SNF and TS) are not available (Aboagye, 2002). There is also limited information on milk composition of various breeds of dual-purpose cattle and factors affecting individual breed milk components. According to Looper (2012) component yields tends to receive very little concern as compare to milk yield per cow. Without adequate knowledge about milk fats and solids components of a particular breed, the usefulness of its milk for appropriate dairy product such as butter, cheese or powdered milk may be baffling. The objective of this study was to determine percentage milk composition (protein, fat, lactose, cholesterol, solid-non-fat and total solids) of dual-purpose cattle at smallholders' farms in Ashanti-Region.

Materials and Methods

The study was carried out in Ashanti Region from September 2012 to February 2014. Ashanti Region is located in the transitional zone of Ghana and lies between longitudes 0.15'W and 2.25'W, and latitudes 5.50'N and 7.46'N. The average daily temperature of Ashanti region is about 27°C. Much of the region is situated between 150 and 300 metres above sea level (Ghana Districts, 2006). The Region has two rainy seasons and a dry period which starts from December to March. The major rainy season starts from April to July whilst the minor rains occur in August to November. The detailed description of Ashanti Region's vegetation and average annual rainfall had been done in Coffie et al. (2015).





Plate 1: Zebu Cattle (Sokoto Gudali, and White Fulani)





Plate 2: Taurine cattle (WASH, and N'dama)





Plate 3: Zebu and Taurine crosses (Sanga, and Sanga-Gudali crossbreed)

A total of seventy two (72) cows were purposively selected from six breeds (Plate 1, 2 and 3) including Sokoto Gudali (n=14), White Fulani (n=10), WASH (n=14), N'dama (n=9), Sanga (n=12), and Sanga-Gudali crossbreed (n=13) based on availability of lactating dual purpose cows of different stage of lactation, parity, and season (rainy, minor and dry).

These breeds were kept under farmers' own management of similar treatment involving seven to eight hour grazing on the range forage (Plate 4) including Pennisetum purpureum, Panicum minimum, Panicum maximum, and Centrocaema pubescens. The cattle were also given feed supplementation comprising cassava and plantain peels (Plate 5), and brewer's spent grain. Animals were de-wormed with Albendazole 10% at three month interval.

Each cow's record comprised of breed, parity, stage of lactation, and season of sampling. Milking was done manually and milk samples were taken after complete milking prior to shaking of the milking can to ensure even distribution of milk components. Data were gathered on milk composition (% protein, % fat, % lactose, % cholesterol, % total solids, and % solids-non-fat) of the various breeds in accordance with A.O.A.C. (2006).

The data on milk composition of the dual-purpose cattle were subjected to least









Plate 4: Some few range fodder in Ashanti Region, Ghana





Plate 5: Dual-purpose cattle being supplemented with cassava and plantain peels (mixed)

squares (LS) analysis using Generalized Linear Model (GLM) Type III Procedure (SAS, 2008) on the following fixed model:

$Yijkmn = \mu + Bi + Pj + Lk + Sm + BPij + BLik + BSim + PLjk + PSjm + LSkm + eijkmn$

Where: Yijkmn = trait being measured (milk composition);
μ = the overall mean;
Bi = the effect of ith breed;
Pj = the effect of jth parity, j= 1, 2, … 5;
Lk = the effect of kth stage of lactation, k= 1, 2, 3, 4;
S_m = the effect of mth Season of lactation, m = 1, 2, 3;
BP + BL + BS + PL + PS + LS = corresponding two-way interactions; and
eijkmn = the random error term.

Differences among means of significant effects were separated by probability of difference (PDIFF) procedure of SAS (2008).

Results and Discussion

Effect of Breed on Percentage Milk Composition

The effects of all fixed factors studied on percentage milk composition are shown in Table 1. The percentage milk composition of protein, fat, lactose, cholesterol, and total solids of various dual purpose cows were significantly ($p<0.01$) influenced by breed (Table 1). Sokoto Gudali and Sanga-Gudali crossbred had similar ($p>0.05$) and highest percentage milk protein (Table 1). Fat components of Sokoto Gudali, N'dama, Sanga, Sanga-Gudali cross, WASH, and White Fulani fall within the ranges of 1.77 to 5.98 % (Heinrichs *et al.,* 2005).

The percentage component of fats of these breeds are however lower than the on-station averages reported by Rege et al. (1994). WASH had higher fat in this study than 1.3 % stated (Aboagye, 2002) but also lower than 4.1 reported by Rege et al. (1994). The average values of cholesterol levels of Sanga-Gudali crossbred and WASH (Table 1) are comparable to those reported in literature (Strzałkowska *et al.,* 2010). On the contrary breed had little ($p>0.05$) effect on solid-non-fat (SNF) components. The variations in percentage milk components among different breeds studied are of no doubt due to the differences in individual breed as considered. Heinrichs et al. (2005), and Looper, (2012) alluded that breed and inheritance contribute to 55 % of the milk compositional yields

Effect of Parity of Cow

Based on the result of this study (Table 1), it can be asserted that parity may not be a good predictor of changes in milk composition. This finding is in support of the observation made by Strzałkowska et al. (2010) that milk component especially cholesterol is not affected by parity. The slight difference of 0.4 % drop in milk protein from parity 1 to 5 observed in this result, though insignificant, is higher than 0.10 to 0.15 unit decrease over a period of five or more lactations (Looper, 2012).

Effect of Stage of Lactation

Stage of lactation, apart from cholesterol levels, had little ($p>0.05$) effect on other milk components. This finding contradicts the results of Heinrichs et al. (2005), Strzałkowska et al. (2010), and Looper (2012) who unanimously reported that the concentration of milk fat and protein are highest in early and late lactation and lowest during peak milk production through mid-lactation. These differences can be attributed to the ranges of groupings used for the stages of lactation in this study without a particular emphasis on early, mid and late lactations. O'Connor (1995), and Heinrichs et al. (2005) noted that at 0-3 and 30-55 weeks of lactation, the concentration of milk solids are higher than 4- 25 week (mid lactation).

Effect of Season of Lactation

The protein and solid-non-fat components show different pattern in that their percentage compositions are relatively higher ($p<0.01$) in the minor and dry season. This trend is similar to the findings reported by Heinrichs et al. (2005) and Kumaresan et al. (2008). They also noticed highest values of total solids and SNF (including protein) contents of

Table 1: Least square means and standard errors for the effect of breed and non-genetic factors on milk composition of dual-purpose cows

Factors	N1	Protein (%)	Fat (%)	Lactose (%)	Cholesterol (%)	Solid-Non-Fat (%)	Total solids (%)
BREED[2]		**0.0005**	**0.0001**	**0.0023**	**0.0001**	**0.2655**	**0.0001**
Gudali	14	8.0 ± 0.25[a]	2.9 ± 0.06[b]	6.6 ± 0.15[a]	0.69 ±0.03[ab]	5.6 ± 0.08	13.7 ± 0.09[c]
N'dama	9	6.8 ± 0.28[b]	3.2 ± 0.06[a]	6.7 ± 0.17[a]	0.61 ± 0.04[b]	5.4 ± 0.09	15.0 ± 0.10[a]
Sanga	12	7.2 ±0.26[b]	3.2 ± 0.06[a]	6.6 ± 0.16[a]	0.63 ± 0.03[b]	5.6 ± 0.08	14.8 ± 0.10[ab]
SangaXGudali	13	8.0 ± 0.20[a]	2.8 ± 0.04[b]	6.2 ± 0.12[b]	0.54 ± 0.03[c]	5.5 ± 0.06	13.7 ± 0.08[c]
WASH	14	7.4 ± 0.25[b]	3.0 ± 0.06[b]	6.6 ± 0.15[a]	0.57 ± 0.03[c]	5.7 ± 0.08	14.5 ± 0.09[b]
White Fulani	10	7.1 ± 0.27[b]	3.3 ± 0.06[a]	6.1 ±0.17[b]	0.73 ± 0.04[a]	5.6 ± 0.08	14.8 ± 0.10[ab]
PARITY[2]		**0.7885**	**0.8663**	**0.9707**	**0.8548**	**0.6290**	**0.7402**
1	11	7.6 ± 0.26	3.1 ± 0.06	6.5 ± 0.16	0.62 ± 0.04	5.7 ± 0.08	14.5 ± 0.10
2	19	7.4 ± 0.22	3.1 ± 0.05	6.4 ± 0.14	0.61 ± 0.03	5.6 ± 0.07	14.4 ± 0.08
3	25	7.4 ± 0.18	3.1 ± 0.04	6.5 ± 0.11	0.62 ± 0.02	5.6 ± 0.05	14.4 ± 0.07
4	5	7.5 ± 0.39	3.0 ± 0.09	6.5 ± 0.24	0.66 ± 0.05	5.6 ± 0.12	14.5 ± 0.14
5	12	7.2 ± 0.26	3.1 ± 0.06	6.4 ± 0.16	0.63 ± 0.04	5.5 ± 0.08	14.4 ± 0.10
STAGE OF LACTATION[2]		**0.1913**	**0.6360**	**0.6553**	**0.0206**	**0.5149**	**0.6180**
1-10	39	7.6 ± 0.12	3.0 ± 0.02	6.6 ± 0.08	0.68 ± 0.01[a]	5.6 ± 0.04	14.5 ± 0.05
11-20	20	7.8 ± 0.15	3.1 ± 0.03	6.6 ± 0.09	0.67 ± 0.02[a]	5.7 ± 0.05	14.5 ± 0.06
21-30	9	7.3 ± 0.24	3.1 ± 0.06	6.5 ± 0.14	0.56 ± 0.03[b]	5.6 ± 0.07	14.5 ± 0.09
31-40	4	7.0 ± 0.58	3.0 ± 0.13	6.2 ± 0.36	0.61 ± 0.08[b]	5.4 ± 0.20	14.2 ± 0.22
SEASON[2]		**0.0001**	**0.0001**	**0.0001**	**0.0001**	**0.0001**	**0.0001**
Major	23	6.5 ± 0.21[b]	3.3 ± 0.05[a]	10.1 ± 0.13[a]	0.62 ± 0.03	4.3 ± 0.07[b]	16.0 ± 0.08[a]
Minor	23	7.9 ± 0.21[a]	2.9 ± 0.05[b]	4.6 ± 0.12[b]	0.63 ± 0.03	6.2 ± 0.07[a]	13.6 ± 0.08[b]
Dry	26	7.9 ± 0.20[a]	2.8 ± 0.04[b]	4.5 ± 0.11[b]	0.64 ± 0.03	6.1 ± 0.06[a]	13.5 ± 0.07[b]
Overall	72	7.7 ± 0.07	3.0 ± 0.02	6.4 ± 0.04	0.65 ± 0.01	5.7 ± 0.02	14.3 ± 0.03

[1] = *Number of observations;*
[2] =*Probability values of fixed factors;*
[abcde] =*Subclass means bearing common superscripts in the same column are not significantly different (p>0.05).*

Table 2: interaction effects of fixed factors on milk components

Type of interaction	% Protein	% Fat	% Lactose	% cholesterol	% SNF	% TS
Breed*Parity	*	ns	**	ns	ns	ns
Breed*SOL	ns	*	**	ns	ns	ns
Breed*SOS	**	ns	**	ns	*	ns
Parity*SOL	ns	ns	ns	ns	ns	ns
Parity* SOS	ns	ns	ns	ns	ns	ns
SOL*SOS	ns	ns	ns	ns	ns	ns

**=p<0.05; **=p<0.01; ns=not significant*
SOL=Stage of lactation; SOS=Seasons of sampling; SNF=Solids-non-fat;TS=Total solids

Jersey milk during the coldest/winter months. Fats content together with lactose, and total solids have their percentage components being higher in the major rains than minor and dry seasons. This is as a result of rich nutritive fodders which abound in their required quantities for grazing cattle as this has also been observed by Looper (2012).

Interaction Effects of Breed and other Factors on Milk Component Traits

Two-way interaction effect of breed x parity was significant in percentage protein ($p<0.05$) and lactose ($p<0.01$) (Table 2). Significant interaction of breed x stage of lactation (SOL) was observed in percentage fat ($p<0.05$) and lactose ($p<0.01$). Breed x season of sampling (SOS) interaction was significant in percentage protein ($p<0.01$), lactose ($p<0.01$) and SNF ($p<0.05$). All other interaction effects were not significant ($p>0.05$).

The significant interaction observed indicates that the ranking of factors do not hold when combined set of level of two factors are considered. In other words, when the same genotype develops different phenotypes (% protein or lactose component) in different environmental factor, then there is genotype by environment interactions (GEI) between the genotype and the environmental factor(s). Many researchers have reported important interaction effects when the same genotypes develop different milk production traits in different environments (Gebreyohannes *et al.,* 2014). This GEI might have arisen when the performances of the breeds of cows are not equally influenced by the different environments. In this study for instance, given different seasons: major rains, minor and dry seasons, % lactose component yield for Sanga-Gudali crossbred were 10.4, 4.0 and 4.3 % respectively. Change in the relative performance of two or more genotypes measured in two or more environments would therefore aid in improvement and evaluation of farm animal genetic programmes and development of cattle production objectives.

Conclusion and Recommendation

- Breed and season had large influence on percentage milk compositions/components studied except solid-non-fat.
- Parity and stage of lactation had little effects on percentage composition of fresh milk, however, the latter influenced cholesterol levels.
- Therefore, producers could select genotypes on production traits within environmental conditions comparable to where cows are intended to perform better.

Acknowledgement

The authors are most grateful to the Edulink II project for providing the funds for this study.

References

Aboagye, G. S. 2002. Phenotypic and genetic parameters in cattle populations in Ghana. International Livestock and Research Institute. Retrieved March 11, 2013 from: http://agtr.ilri.cgiar.org/index.php?option=com_content&task=view&id=153&Itemid=179.

A.O.A.C. International. 2006. Official Methods of Analysis of AOAC International. 18th. Arlington, VA: AOAC International.

Coffie, I., Annor, S. Y., Kagya-Agyemang, J. K. and Bonsu, F. R. K. 2015. Effect of breed and non-genetic factors. Livestock Research for Rural Development, 27 (07) 2015.

Fox, P. F. and McSweeney, P. L. H. 1998. Dairy Chemistry and Biochemistry. St Edmundsbury Press Ltd, Bury St Edmunds, Suffolk, UK. 478 pp.

Gebreyohannes, G., Koonawootrittriron, S., Elzo, M. A. and Suwanasopee, T. 2014. Genotype by environment interaction effect on lactation pattern and milk production traits in an Ethiopian dairy cattle population. Kasetsart Journal of Natural Science, 48: 38 – 51.

Ghana Districts. 2006. A repository of all districts in the Republic of Ghana. Public – Private Partnership Programme between Ministry of Local Government, Rural Development and Environment and Maks Publications and Media Services. Retrieved May 11, 2013 from, http://www.ghanadistricts.com/districts/?news&r=10&_=47.

Heinrichs, A. J., Jones, C. and Bailey K. 2005. Milk Components: Understanding the causes and importance of milk fat and protein variation in your dairy herd. Retrieved February 12, 2014, from http://extension.psu.edu/animals/dairy/health/nutrition/nutrition-and-feeding/diet-formulation-and-evaluation/milk-components-understanding-the-causes-and-importance-of-milk-fat-and-protein-variation-in-your-dairy-herd-1.

Kumaresan, G., Saravanakumar, K., Murugan, B., Rajendran, D., Devendran, P. and Annal-Villi R. 2008. Finely ground dry corn supplementation to improve solids-not-fat content of crossbred cattle milk during summer under Tropical Climate. Journal of Applied Sciences Research, 4 (2): 202-206.

Looper, M. 2012. Factors affecting milk composition of lactating cows. Agriculture and Natural Resources. Division of Agriculture Research and Extension University of Arkansas, USA, pp. 6.

O'Connor, C. B. 1995. ILRI Training Manual 1. Rural Dairy Technology. International Livestock Research Institute, Addis Ababa, Ethiopia.

Rege, J. E. O., Aboagye, G. S. and Tawah, C. L. 1994. Shorthorn cattle of West and Central Africa. IV. Production characteristics. World Animal Review, 78: 33-48. Retrieved February 24, 2014, from http://cgspace.cgiar.org/handle/10568/5440.

Schroeder, J. W. 2012. Dairy cow nutrition affects milk composition. NDSU Extension Service July 2012. Retrieved February 11, 2014, from http://www.ag.ndsu.edu/pubs/ansci/dairy/as1118.pdf.

Statistical Analysis System (SAS). 2008. User's Guide. SAS/STAT® 9.2, Cary, NC: SAS Institute Inc.

Strzałkowska, N., Jóźwik, A., Bagnicka, E., Krzyżewski, J., Cooper, R. G. and Horbańczuk, J. O. 2010. Factors affecting the cholesterol content of milk of cows fed conserved feeds in a TMR system throughout the year. Mljekarstvo, 60 (4): 273-279.

VARIABILITÉ PHÉNOTYPIQUE DANS LES POPULATIONS DE COBAYES DOMESTIQUES (CAVIA PORCELLUS) DU CAMEROUN

Ayagirwe. R B B[1], Meutchieye F[2], Wikondi J[2], Poutougnigni Y M[2], Niba A T[3] and Manjeli Y[2].
[1]Université Evangélique en Afrique, Bukavu-DRC, department of Animal Production,
Faculty of Agricultural and environmental sciences
[2]Department of Animal Production, FASA-University of Dschang
[3]College of Technology, University of Bamenda, Cameroon

Résumé

Dans l'optique d'évaluer la variabilité phénotypique des cobayes élevés au Cameroun, une enquête a été réalisée dans trois zones agro-écologiques (monomodale, bimodale et les hautes terres de l'Ouest) entre le mois d'Avril 2012 à Avril 2013. Un total de 460 cobayes non apparentés a été sélectionné dans 370 ménages en fonction du sexe, de l'âge et des caractéristiques phanéroptiques. Pour chaque animal, la couleur de la robe, la présence ou pas du frosting, de la panachure, l'orientation des oreilles, la couleur des yeux et le profil de la tête ont été observés alors que longueur de la tête, du corps et le poids vif ont été mesurés. Les principaux résultats indiquent la présence de 4 principales colorations : le noir, le blanc, le brun et le gris-cendré, à partir desquelles plusieurs combinaisons découlent. Les combinaisons les plus fréquentes sont le noir-blanc (26%) et le noir-blanc-gris (19%). Environ 79% des animaux présentent la panachure alors que 78% ont le frosting. La tête est allongée (53%), avec des yeux noirs (73%) et des oreilles dressées (56%). Le poids vif de ces cobayes varie entre 276 et 1161 gramme avec une moyenne de 569g. Les individus originaires de la région de l'Ouest sont ceux qui pèsent plus (626±166g) alors que ceux originaires de la région du sud-ouest sont les plus légers (531±96g). Une corrélation positive a été trouvée entre la longueur de la tête, la longueur de l'animal et le poids vif. Ces résultats montrent l'existence d'une grande variabilité entre les populations des cobayes et constitue une opportunité pour la sélection.

Mots clés : Phénotype, cobaye, diversité, Cameroun

PHENOTYPIC VARIABILITY OF CAMEROON DOMESTIC CAVY (CAVIA PORCELLUS) POPULATIONS

Abstract

In order to assess the phenotypic variability of domestic cavy populations in Cameroon, a survey was conducted in three agro-ecological areas (unimodal, bimodal and Western high lands) from April 2012 to April 2013. A total of 460 unrelated cavies were selected from 370 households based on gender, age and phaneroptic traits. For each animal, the coat color, the presence or absence of frosting, variegation, ear orientation, eye color and head profile were observed, whereas head and body lengths and live weight were measured. The main results indicate the presence of 4 main colors: black, white, brown and ash-gray, from which several combinations are derived. The most common combinations are black-white (26%) and black-white-gray (19%). Variegation was observed in about 79% of animals, and frosting in 78% of animals. The head is elongated (53%), with black eyes (73%) and erect ears (56%). For these cavies, live weight varies between 276 and 1161 grams, with an average of 569g. Animals from the western region weigh more (626 ± 166g) than those from the south-western region whose weight is the lightest (531 ± 96g). A positive correlation was found between the length of the head, the length of the animal and its live weight. These results show great variability among cavy populations, and this is an opportunity for selection.

Keywords: Phenotype, cavy, diversity, Cameroon

*corresponding author email: ayagirwerodrigue@yahoo.fr

Introduction

L'élevage de cobaye est une activité connue depuis 1938 au Cameroun (Fotso et al, 1995 ; Yiva, 2013) où il constitue un gage de sécurité alimentaire et une source de revenu (Ngou Ngoupayou *et al*, 1995; Niba *et al*, 2012). Cet élevage est en pleine expansion étant donné qu'il requiert moins d'espace, un travail minimum et la production d'une viande de meilleure qualité. Son élevage contribue jusqu'à 46% au revenu du ménage des éleveurs (Ngou Ngoupayou *et al*, 1995). Au Cameroun, il fait partie des espèces non conventionnelles exploitées comme alternative pour accroitre la production de viande (PAPENOC, 2010, Niba *et al*, 2012). La taille du cheptel varie de un à 135 animaux par ménage avec une moyenne de 18 animaux (Ngou Ngoupayou et al, 1995 ; Manjeli et al, 1998 et Yiva, 2013). En Amérique latine, la production des cobayes a été significativement améliorée avec l'utilisation des techniques de production modernes (NRC 1991; Numbela et Valencia 2003). Au Cameroun, ils sont plus exploités dans des conditions traditionnelles où les animaux sont élevés en divagation libre dans des cuisines (Manjeli *et al.,* 1998) et sont principalement nourris par des restes de cuisines, des résidus de cultures et dans certains ménages avec des fourrages. Il s'agit en général d'une activité secondaire entreprise principalement par les femmes (Ngou Ngoupayou *et al.,* 1995). Leur niveau de production reste faible et est lié à plusieurs contraintes comme les prédations, les croisements incontrôlés, la consanguinité et une sélection négative (NgouNgoupayou et al, 1995). Plusieurs études ont été ainsi entreprises pour l'amélioration de l'alimentation et de la reproduction de ces animaux. L'évaluation de leurs performances de croissance et de reproduction connait une relative abondance (Kenfack *et al.,* 2006 ; Ciza, 2014). Des récentes études d'évaluation de la diversité moléculaire ont montré l'existence de plusieurs types génétiques selon les zones agro-écologiques (Ayagirwe, 2014 et Wikondi, 2014). Cependant, l'évaluation phénotypique de cette diversité n'a pas jusque-là été effectuée. Cette étude vise ainsi à l'évaluation de la diversité phénotypique Caractéristiques morphométriques des cobayes élevés au Cameroun.

Matériel et méthodes

Zone d'étude

Cette étude a été réalisée entre Avril 2012 et Avril 2013 dans trois zones agro-écologiques du Cameroun à savoir la zone monomodale, bimodale et la zone des hauts plateaux de l'Ouest. Cette zone est comprise entre 500 et 4000m d'altitude, connait une précipitation moyenne annuelle comprise entre 1500 et 4000mm de pluie et une température moyenne annuelle variant entre 19 et 29°C.

Echantillonnage

Une enquête a été réalisée au près de 370 ménages effectuant l'élevage de cobayes. Un total de 460 cobayes non apparentés a été sélectionné sur base du sexe, de l'âge et des caractéristiques phanéroptiques. Pour chaque animal, la couleur du patron coloré, la présence ou pas du frosting et de la panachure, l'orientation des oreilles, le profil de la tête ainsi que la couleur des yeux ont été observées. La longueur totale du corps, la longueur de la tête ainsi que le poids vif de l'animal ont été mesurés.

Analyses statistiques

Les données obtenues ont été soumises à une analyse descriptive. Une classification hiérarchique ascendante a été réalisée sur la base des distances de Mahalanobis en suivant la méthode de Ward. Les différents groupes ont été comparés en utilisant le test de Fisher alors que la séparation des moyennes a été réalisée par le test de Tukey au seuil de 5%.

Résultats

Caractéristiques morphométrique des cobayes élevés au Cameroun

Il est ressorti du travail (tableau 1) que les cobayes élevés au Cameroun ont une longueur totale du corps comprise entre 13 et 35 cm, une longueur de la tête comprise

entre 6 et 12 cm avec un poids variant entre 267 et 1161 grammes. Les animaux des régions bimodale et des hautes terres sont ceux qui ont une longueur du corps la plus élevée (plus de 28,6 cm) alors que ceux qui ont la longueur du corps la plus faible sont originaires de la région monomodale. Cependant, la longueur de la tête est plus élevée dans la population des cobayes de la région monomodale en comparaison aux autres. Ceux de la région des hautes terres ont la longueur de la tête relativement la plus faible. Ces résultats seraient dus au fait que les animaux originaires des deux zones autres ont une longueur du corps élevée et un profil de la tête arrondie

Le poids des cobayes a été statistiquement plus élevé dans la population des cobayes de la région des hautes terres et faible dans la population de la région monomodale. Dans l'ensemble de la population des cobayes des différentes régions, une grande variabilité est observée pour toutes ces mensurations (grande étendue) indiquant une potentialité de sélection au sein de chaque population pour une éventuelle amélioration des performances.

Distribution du patron coloré entre population des cobayes

Notre étude présente une répartition importante des patrons colorés des cobayes au sein des différentes régions d'élevage (tableau 2). Il est à observer la présence de quatre principaux patrons colorés à partir desquels plusieurs combinaisons découlent (figure 1). Ces principaux patrons colorés sont le blanc, le brun, le gris-cendré et le noir dont les fréquences respectives dans la population totale sont 14,5% ; 2,7% ; 3,48% et 1,81%. Ces patrons colorés sont illustrés par les photos a, b, et c. Parmi les combinaisons les plus dominantes figurent le noir-blanc (25,98%), le noir blanc-cendré (19,64%), le blanc-brun-noir (12,39%) et le blanc-brun (10,57%). Les différentes types de combinaison des patrons colorés indique une absence de sélection dans la population en générale sur la base de la couleur de la robe des cobayes mais témoigne aussi que les accouplements sont aléatoires dans la population.

Caractéristiques morphologiques des cobayes du Cameroun

Les caractéristiques morphologiques des cobayes (tableau 3) prouvent qu'indépendamment de la région, les cobayes élevés sont majoritairement à profil de tête allongée sauf dans les hautes terres où la totalité des animaux est à profil de tête arrondie. Le



Figure 1 : Patrons colorés monochromiques (noir, brun et blanc) et bichromiques

Tableau 1 : Mensurations corporelles des cobayes selon les régions d'élevage

		Régions agro-écologiques					
		Bimodale		*Hautes terres*		*Monomodale*	
Paramètre		**Centre**	**Est**	**Nord-ouest**	**Ouest**	**Sud-ouest**	**Littoral**
Longueur *total corps*	Moyenne	28,6[a]	28,6[a]	22,3[b]	29,5[a]	19,8[c]	19,8[c]
	Ecart-type	2,5	1,5	2,9	2,0	1,7	1,6
	Minimum	23,0	24,0	13,0	25,0	15,0	15,0
	Maximum	35,0	31,0	29,0	33,0	23,0	23,0
Poids vif	Moyenne	544,4[bc]	565,2[bc]	638,8[a]	607,2[ab]	548,3[bc]	535,0[c]
	Ecart-type	117,6	104,0	181,4	120,6	121,7	97,9
	Minimum	302,0	343,0	267,0	343,0	272,0	311,0
	Maximum	797,0	815,0	1161,0	878,0	808,0	796,0
Longueur de la tête	Moyenne	9,0[b]	8,6[b]	7,5[c]	7,2[c]	10,0[a]	10,0[a]
	Ecart-type	1,0	0,8	0,7	0,7	0,9	0,7
	Minimum	7,0	7,0	6,0	6,0	8,0	8,0
	Maximum	11,0	10,0	9,0	9,0	12,0	11,5

[a, b] et [c]: les chiffres portant les mêmes lettres en indice dans la même ligne sont statistiquement différents au seuil de 5%.

Tableau 2 : Patron coloré chez le cobaye élevé au Cameroun

Patrons colorés	**Combinaisons**	**Régions agro-écologiques**						
		Bimodale		*Hautes Terres*		*Monomodale*		*Moyenne*
		Centre	Est	Nord-ouest	Ouest	Littoral	Sud-ouest	
Monochromique	Blanc	4,17	0,00	67,39	11,76	10,29	3,57	14,50
	Brun	2,08	0,00	17,39	0,00	0,00	0,00	2,72
	Noir	0,00	0,00	4,35	0,00	1,47	5,36	1,81
Bichromique	Blanc -brun	4,17	4,84	0,00	13,73	16,18	21,43	10,57
	Blanc-cendré	0,00	0,00	0,00	3,92	5,88	8,93	3,32
	Blanc-gris	8,33	4,84	0,00	0,00	0,00	0,00	2,11
	Noir-brun	4,17	0,00	0,00	1,96	2,94	3,57	2,11
	Noir-cendré	2,08	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,30
	Gris-cendré	2,08	0,00	10,87	0,00	4,41	3,57	3,48
	Noir-blanc	12,50	17,74	0,00	23,53	48,53	42,86	25,98
Trichromique	Blanc-brun-cendré	2,08	0,00	0,00	0,00	1,47	1,79	0,91
	Blanc-brun-noir	18,75	0,00	0,00	41,18	8,82	8,93	12,39
	Blanc-gris-cendré	0,00	1,61	0,00	0,00	0,00	0,00	0,30
	Noir-blanc-cendré	39,58	70,97	0,00	3,92	0,00	0,00	19,64

Tableau 3 : Caractéristiques morphologiques des cobayes élevés au Cameroun

Paramètre	**Modalités**	**Pourcentage par région agro-écologique**						
		Bimodale		*Hautes Terres*		*Monomodale*		*Moyenne*
		Centre	Est	Nord-ouest	Ouest	Littoral	Sud-ouest	
Profil de la tête	allongée	70,83	95,16	0,00	0,00	88,24	64,29	53,51
	arrondie	29,17	4,84	100,00	100,00	11,76	35,71	46,91
Frosting	absent	4,17	1,61	10,87	84,31	11,76	21,43	21,45
	présent	95,83	98,39	89,13	15,69	88,24	78,57	78,55
Couleur des yeux	noir	89,58	96,77	71,30	90,20	89,71	85,71	87,29
	rouge	10,42	3,23	28,70	9,80	10,29	14,29	12,70
Panachure	absent	4,17	1,61	10,87	84,31	11,76	21,43	21,45
	présent	95,83	98,39	89,13	15,69	88,24	78,57	78,55
Orientation oreilles	dressée	52,08	50,00	0,00	98,04	77,94	48,21	56,19
	tombante	47,92	50,00	100,00	1,96	22,06	51,79	43,81

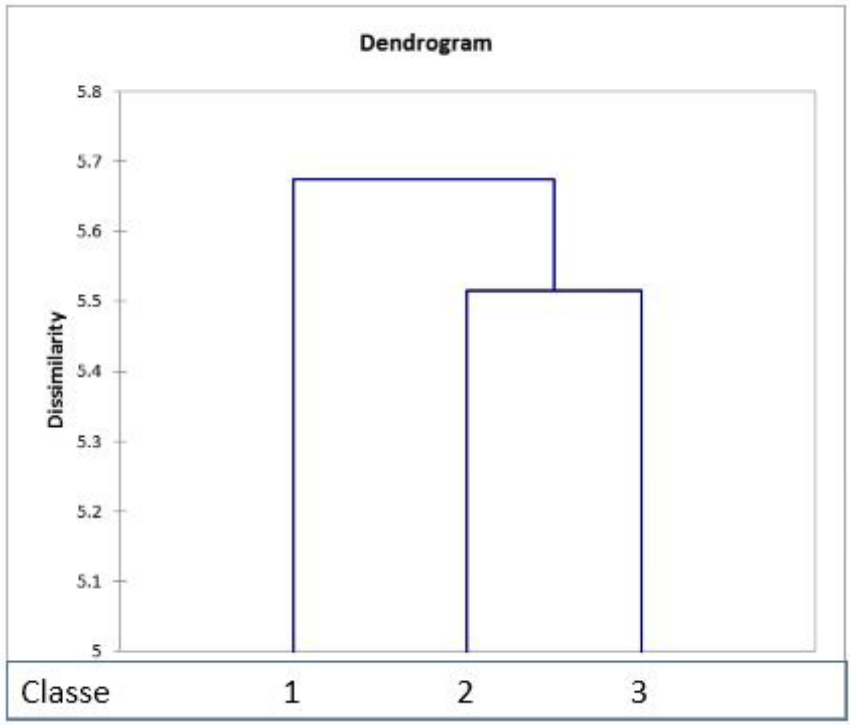


Figure 2 : Classification typologique des cobayes élevés au Cameroun

frosting est présent en moyenne chez 78,55% des cobayes sauf dans la population des hautes terres où le frosting est dans la plupart de cas absent. Plus de 87% des cobayes ont des yeux noirs alors que les autres sont caractérisés par des yeux rouges. Les yeux rouges sont souvent associés à la robe blanche, qui marque un certain albinisme. La panachure est présente pour plus de 78,55% des cobayes avec des oreilles qui sont soient dressées (56,19%) ou alors tombantes (43,81%). Les cobayes de la région des hautes terres ont des oreilles tombantes (sous groupe Nord-ouest) ou alors ont pour la plupart des oreilles dressées (sous groupe Ouest).

Typologie des cobayes élevés au Cameroun

Sur la base des caractéristiques phanéroptiques, morphologiques et les mensurations corporelles, trois groupes morphogénétiques ont été mis en évidence sur la base de la classification hiérarchique ascendante (figure 2). Ainsi, parmi les caractères de distinction des animaux figurent le poids vif, la panachure, le frosting et le profil de la tête. Les cobayes de classe 1 (88% d'effectif) sont caractérisés par un poids vif de 581,5g, ils ont la présence de la panachure, et indifféremment la présence ou pas du frosting, le profil de leur tête est allongé avec des yeux noirs et des oreilles qui sont soient dressées ou tombantes. Les cobayes de classe 2 (8%) sont caractérisés par un poids vif de 571,7g, une panachure présente avec l'absence du frosting, leur tête arrondie et leurs yeux sont rouges avec des oreilles tombantes. Les cobayes de la classe 3 (1%) quant à eux sont légers (421,6g), et n'ont ni frosting ni panachure avec une tête à profil allongé et des oreilles dressées.

Discussion

Le poids vif des animaux ayant varié entre 267 et 1161 grammes indiquent une grande variabilité de la croissance pondérale dans les différentes régions. Cette variation a déjà été enregistrée par Manjeli *et al.,*(1995). Elle serait due par les différents modes de gestion des animaux existants entre les différentes régions mais aussi par des différences génétiques entre animaux. En effet, les études de caractérisation génétiques menées par Ayagirwe, (2014) et Wikondi (2014) ont montré qu'il y avait une grande variabilité génétique au sein de la population des cobayes dans chaque région mais aussi entre régions, suggérant des possibilités d'amélioration. Les cobayes du Cameroun ont été caractérisés par un poids moyen de 573,15g, une longueur de la tête de 8,7cm et une longueur totale du corps de 24,73cm. Faradja (2012) a plutôt trouvé pour la population de cobaye de la RD Congo, une longueur totale du corps de 25,56cm, une longueur de la tête de 5,34cm pour un poids vif de 713,27g. Par contre Hudson (2003) a quant à lui enregistré un poids moyen de 900 à 1200 g pour les mâles et 700 à 900 g pour les femelles pour des conditions d'élevage assez similaires. Les caractéristiques phanéroptiques observées chez les cobayes révèlent une extraordinaire diversité de patrons colorés. Cette diversité correspond aux résultats de l'étude de Fotso et al, (1995) au Cameroun, Wagner (1976) au Sénégal et Boudas (2005) au Maroc. Les principales distributions dans la population des types de patrons colorés observés sont conformes aux observations faites par Harman et Case (1941), Warren (1999) et révisées par Neesam (2008). En effet ces derniers ayant effectué des études sur les colorations de la robe chez le cobaye et leur gène responsable ont trouvé l'existence de la robe blanche, noire, brune et grise-cendré. La combinaison des différentes colorations chez un même individu étant lié à l'effet des plusieurs gènes parmi lesquels figurent le gène d'extension, le gène de non-extension et le gène agouti. L'existence de la variabilité des patrons colorés indiquent que les accouplements se font de manière aléatoire avec un risque élevé de consanguinité entre les populations. En effet étant donné que les effectifs des cobayes par ménage sont réduits, avec l'absence d'un système de croisement rationnel, la consanguinité poussée au sein de la population serait courante comme (Ayagirwe, 2014 et Wikondi, 2014). Fotso *et al.,* (1995) ont aussi observé que sous les tropiques, les cobayes à robe multichromique sont plus dominants

et qu'en général, leurs yeux sont noirs ou rouges. L'expression du gène au locus agouti (A) encore observable dans la coloration de la robe chez le cobaye du Cameroun résulterait de la conséquence de relations épistatiques entre le locus agouti et les autres loci impliqués dans la coloration, en particulier le locus au gène d'extension (E).

Conclusion

La population de cobaye du Cameroun présente une grande variabilité phénotypique d'origine génétique et environnementale avec des potentialités énormes pouvant être exploitées pour son amélioration. Ces résultats préliminaires pourraient être complétés par une étude sur l'appréciation et l'exploitation des patrons colorés par les éleveurs, ainsi que de leur utilisation dans les systèmes efficaces de croisement et sélection.

Remerciements

Ce travail a été entièrement financé par Projet Cobaye ILRI-CSIRO CSI002-GUI de l'Université de Dschang et ses partenaires Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization (CSIRO) et BecA-ILRI (Bioscience eastern and central Africa-International Livestock Research Institute).

Références

Ayagirwe RBB, 2014. Diversité génétique et structure des populations de cobayes (Cavia porcellus) dans la zone agro-écologique monomodale du sud Cameroun. Thèse de Msc. FASA, UDS.84p.

Ciza A P, 2014.Performances de croissance et de reproduction des cobayes supplémentés aux astéracées ou à l'aliment compose enrichi en protéines. Thèse de Msc. FASA, UDS.72p.

Fotso JM, Ngou Ngoupayou JD, Kouonmenioc J, 1995. Performances expérimentales des cobayes élevés pour la viande au Cameroun, Cahiers Agricultures 4: 65-9.

Harman TM, Alsop AC, 1941. Genetic aspects of pigment production in the guinea pig. Genetics 26:13p.

Hudson A, 2003. The guinea pig. In: Ballard B.M., Cheek R. Exotic animal medicine for theveterinary technician. Chapter 11. Wiley-Blackwell: Hoboken, 24255.

Kenfack A, Tchoumboué J, Kamtchouing P, Ngoula F, 2006. Effets de la substitution par l'arachide fourragère (Arachis glabrata) de l'herbe à éléphant (Pennisetum purpureum) sur le nombre d'ovulations et les mortalités prénatales chez le cobaye (Cavia porcellus L.) adulte. Tropicultura 24 (3): 143-146.

Manjeli Y, Tchoumboue J, Njwe RM, Teguia A, 1998. Guinea-pig productivity under traditional management. Tropical Animal Health and Production 30: 115-122.

Ngou Ngoupayou JD, Kouonmenioc J, Fotso JM, Cicogna M, Castroville C, Rigoni M, Hardouin J, 1995. Possibilités de développement de l'élevage du cobaye en Afrique subsaharienne: le cas du Cameroun. WAR/RMZ. 83: 10.

Niba AT, Meutchieye F, Fon D, Laisin AG, Taboh H, Njakoi H, Bela-Tomo A, Maass BL, Djikeng A, Manjeli Y, 2012. Current situation of cavy production in Cameroon: Challenges and opportunities. Livestock Research for Rural Development 24 (11): 12p.

NRC (National Research Council), 1991. Microlivestock: Little-known small animals with a promising economic future. National Academy Press, Washington DC.

Numbela E R and Valencia C R, 2003. Guinea pig management manual. Benson Agriculture et Food Institute. Provo, UT, USA: 54p.

PAPENOC, 2010. Projet d'appui aux élevages non-conventionnels. Ministère de l'élevage, des pêches et des industries animales, Yaoundé, Cameroun, 102 p.

Wagner JE, 1976. Introduction and Taxonomy in: The biology of the Guinea pig. Academic press, New York. p.1-4

Warren N, 1999. Cavy Genetics: An Exploration. Revised and updated by Bryan Mayoh, with input from Simon Neesam, 2008. 22p.

Wikondi J, 2014. diversité génétique des cobayes (Cavia porcellus) de la zone agroécologique des Hautes Terres de l'Ouest du Cameroun. Thèse de Msc. FASA, UDS. 69p.

Yiva CH, 2013. A socioeconomic assessment of cavy (Cavia porcellus) production in the Western highlands of Cameroun. Thèse de Msc. FASA, UDS. 81p.

CARACTÉRISTIQUES PHÉNOTYPIQUES DES DROMADAIRES DE LA RÉGION DE BAHR-EL GAZAL AU TCHAD

Djomtchaigue H B, Meutchieye F et Manjeli Y.
Département des Productions Animales, Faculté d'Agronomie et des Sciences Agricoles,
Université de Dschang-Cameroun

Résumé

Une étude a été conduite entre août et septembre 2014 dans la zone sahélienne du Tchad (Bahr El Gazal) dans le but de déterminer la variabilité génétique des dromadaires dans la Région de Bahr El-Gazal. Un total de 349 dromadaires adultes (93 mâles et 256 femelles) a été choisi au hasard dans cinq (5) localités de la région. Les résultats montrent un polymorphisme de couleur de la robe : 85,1 % est fauve, 5,7 % est grise, 5,2 % est sombre et 4,0 % est claire. La hauteur au garrot (HG), la longueur du corps (LC), le pourtour thoracique (PC) et la circonférence abdominale (CA) sont en moyenne de 183,95 ± 7,16 cm, 150,62 ± 8,27 cm, 177,58 ± 7,83 cm et 207,28 ± 11,21 cm respectivement. Cependant, en considérant les localités, il apparait une différence significative nette entre les valeurs susmentionnées. Le poids vif (PV) moyen par localité est de 354,24 ± 5,02 Kg. Les corrélations sont généralement positives et significatives ($P < 0,05$) entre les mensurations et apparaissent plus élevées ($r = 0,97$) entre la HG et le PV. L'équation de régression linéaire (PV = 4,546 HG – 476,6) semble mieux expliquer la relation entre la HG et le PV à cause de sa simplicité et de son coefficient de détermination plus élevé ($R^2 = 0,72$). L'indice de gracilité sternale, l'indice corporel relatif et l'indice de compacité sont de 0,049 ± 0,037 ; 0,849 ± 0,056 et 1,950 ± 0,146 respectivement. L'analyse factorielle discriminante (AFD) montre que la population étudiée est constituée de 3 types génétiques (A, B et C). L'arbre phylogénétique révèle que les types A et B sont plus rapprochés alors que le type C est plus éloigné. La biodiversité observée illustre des possibilités réelles d'amélioration génétique de cette population.

Mots clés : Biodiversité, camélidés, phénotype, zone sahélienne, Tchad.

PHENOTYPIC CHARACTERISTICS OF CAMELS IN BAHR EL GAZAL-REGION, CHAD

Abstract

A study was conducted from August - September 2014 in the Sahelian zone (Bahr El Gazal) of Chad to determine the genetic variability of camels in Bahr El Ghazal. A total of 349 adult camels (93 males and 256 females) were randomly selected from five (5) areas in the region. The results show a polymorphism coat color: 85.1% purple, 5.7% gray, 5.2% dark and 4.0% light. Height at withers (WH), body length (LC), chest girth (PC) and abdominal circumference (AC) were on average 183.95 ± 7.16 cm, 8.27 cm ± 150.62 , 177.58 ± 207.28 ± 7.83 cm and 11.21 cm respectively. However, depending on locations, there appeared to be a marked significant difference between the above values. The average live weight (PV) by location was 354.24 ± 5.02 kg. Correlations were generally positive and significant ($P <0.05$) between measurements and appear higher ($r = 0.97$) between HG and PV. The linear regression equation (PV = 4.546 HG - 476.6) seemed to better explain the relationship between HG and PV because of its simplicity and its higher coefficient of determination ($R^2 = 0.72$). The index of sternal slenderness, relative body mass index and compactness index are 0.049 ± 0.037; 0.849 ± 0.056 and 1.950 ± 0.146 respectively. Discriminant factorial analysis (AFD) shows that the study population consists of three genetic types (A, B and C). The phylogenetic tree shows that types A and B are closer to each other while Type C is farther away from them. This biodiversity illustrates real opportunities for genetic improvement in this population.

Keywords: Biodiversity, camelids, phenotype, Sahel, Chad.

Corresponding authors email : djombamare@yahoo.fr et fmeutchieye@gmail.com

Introduction

L'effectif de dromadaires dans le monde est estimé à 24 millions dont 80 % se trouve en Afrique FAO (2009). Grâce à son anatomie et sa physiologie, le dromadaire est particulièrement adapté dans les régions arides et semi-arides. Il tolère fortement les températures très élevées, les hautes radiations solaires et la sécheresse (Yagil, 1982, Youssouf et Babiker, 1983). En plus de la viande, le dromadaire produit le lait et de la laine. Il est par ailleurs considéré comme l'animal du nomade pour le transport, la traction et le sport (Faye, 1997).

Au Tchad, la population cameline est estimée à 3 millions (PNDE, 2009). L'animal représente pour son propriétaire, la concrétisation de sa réussite sociale (Ramet 1993). Il valorise les plantes ligneuses et épineuses rejetées par les autres herbivores et peut rester de longues périodes sans boire. Cependant, si les autres espèces (bovins, ovins, caprins) ont retenu l'attention des pouvoirs publics et des chercheurs, le dromadaire, animal mystérieux des chameliers est un oublié des circuits de développement (Mbaiogaou, 1998). En effet, malgré son rôle socio-économique si important (figure 1), il n'existe pas à notre connaissance d'informations génétiques sur le dromadaire Tchadien en dehors de quelques études socio-économiques sur les éleveurs et des pathologies camelines.

La nécessité d'une bonne connaissance des dromadaires s'impose dans la perspective d'élargissement des possibilités de leur préservation et de leur utilisation (FAO, 2008). Pour étudier la diversité génétique, plusieurs techniques sont connues : la caractérisation phénotypique, la caractérisation moléculaire et le système d'information géographique (FAO, 2008). La caractérisation morphobiométrique a été proposée comme l'une des stratégies d'analyse des populations domestiques (Bouchel et al, 1997). Le présent travail a pour objectif global de contribuer à une meilleure connaissance de la biodiversité des dromadaires en vue de sa préservation et de son amélioration génétique. Plus spécifiquement, il s'agit de : décrire la biodiversité morphobiométrique des dromadaires de Bahr El Gazal, d'estimer le coefficient de corrélation entre les mensurations, ensuite de déterminer les équations de prédiction du poids vif à partir des mensurations, et enfin d'estimer quelques indices biométriques et analyser la variabilité génétique entre les populations des dromadaires de Bahr El Gazal.

Matériels et méthodes

Localisation et données géoclimatiques de la zone d'étude

L'étude s'est déroulée dans la région de Bahr El Gazal qui, est une région semi désertique située au Nord-Ouest du Tchad dans la zone sahélienne (29°3' à 117°3' latitude Nord et 26°3' à 110°8' longitude Est). Le climat y est de type sahélien, comprenant une saison humide de 3 à 4 mois (Juin à Septembre) et une saison sèche de 8 à 9 mois (Octobre à Mai). Les températures varient de 20 °C à 45 °C. La pluviométrie annuelle varie entre 200 et 400 mm, inégalement répartie tant en terme spatial que temporel. Depuis 2005, elle a chutée de moitié soit de 429 mm à 282 mm (Oxfam, 2010). L'humidité de l'air atteint un maximum au mois d'Août (77 %) et un minimum en Février-Mars (25 %) avec des valeurs moyennes annuelles de 30 à 40 %. Le couvert végétal de la région de Bahr El Gazal est constitué d'une steppe arbustive.

Matériel animal et échantillonnage

Un total de 349 dromadaires adultes issus de 50 élevages volontaires et reparti dans 5 localités a été observé (tableau 1). Les différentes localités ont été retenues sur la base de leur accessibilité. Les données ont aussi été collectées dans deux marchés des départements en tenant compte de l'origine des animaux lors de l'interview des propriétaires.

Collecte des données

La méthode de collecte est dérivée de l'approche élaborée par Lauvergne (1988, 2006) et adapté par la FAO (2013) pour les caractères quantitatifs. L'âge de l'animal donné par les éleveurs a été complété par l'observation de la

dentition (Faye et al, 2000).

Paramètres étudiés chez les dromadaires de Bahr El Gazal

Les différentes mensurations corporelles (figure 2) étudiées sont : longueur du corps (LC), pourtour thoracique (PT), profondeur de la poitrine (PP), hauteur au garrot (HG), pourtour du canon (PC), circonférence abdominale (CA), circonférence du cou (CCou), circonférence de la cuisse (CCui), longueur de la tête (LT en cm), largeur de la tête (lT), longueur de la queue (LQ). Elles ont été obtenues à l'aide des équipements d'un mètre ruban ou une canne toise. La couleur de la robe a été identifiée par les observations directes à la lumière du jour. Le poids de l'animal a été déterminé par la formule de Graber (1966) :

PV = 52 x CT x HG x CA avec HG : hauteur au garrot, CA : circonférence abdominale,

A partir des différentes mensurations, six indices corporels ont été calculés selon des formules décrites par plusieurs auteurs (Chabchoub et al, 2004 ; Nicks et al, 2006 ; Boujenane et al, 2008). Il s'agit de :

- Indice de gracilité sous sternale (IGs), IGs = HG – PT/PT, HG est la hauteur au garrot et PT le pourtour thoracique ;
- Indice de format, IF = LC/HG, LC est la longueur du corps et HG la hauteur au garrot ;
- Indice de compacité (IC), IC = PV/HG, PT est le pourtour thoracique et LC longueur du corps ;
- Indice de massivité (IM) ou rapport corporel (RC), IM = PT/HG, PT est le pourtour thoracique et HG hauteur au garrot ;
- Index dactylo-thoracique (IDt), IDt = PC/PT, PC est le pourtour du canon et PT le pourtour thoracique ;
- Indice Corporel relatif (ICR), LC/PT, LC : longueur du corps et PT : pourtour thoracique.

Analyses statistiques

La statistique descriptive a été utilisée pour décrire la couleur de la robe et les mensurations. L'analyse de la variance (ANOVA) a été utilisée pour tester l'influence des facteurs sur les mensurations et les indices biométriques. Tous les autres facteurs et les interactions n'ayant pas été significatifs, le model suivant a été utilisé :

$y_ij = \mu + \alpha_i + e_{ij}$

μ : Moyenne de la population ;

α_i: Effet de la localité ;

e_{ij}: Erreur résiduelle.

Pour séparer les moyennes quand les effets de la localité ont été significatifs, le test de Duncan a été utilisé. Le sens et le degré d'association entre mensurations et indices biométriques ont été évalués au moyen des coefficients de corrélation de Pearson. Pour évaluer les causes de la biodiversité génétique de la population étudiée, l'analyse en composante principale a été effectuée sur la base des 12 caractéristiques biométriques (Faye, 2012). L'analyse factorielle discriminante sur la base des 12 mensurations corporelles (Faye, 2012 ; FAO, 2013) a permis d'identifier les types génétiques de la population étudiée. La construction de l'arbre phylogénétique suivant le protocole de classification ascendante hiérarchique (CAH) a permis d'établir la relation génétique entre les trois types génétiques (Roux, 2006). Les équations barymétriques ont été établies par la régression du poids vif sur les différentes mensurations et les indices. L'ensemble de ces différentes analyses statistiques a été réalisé à l'aide des logiciels SPSS 21.0 et XLSTAT 2014.

Résultats

Biodiversité morphobiométrique des dromadaires de Bahr El Gazal

La diversite coloree chez le dromadaire de la zone d'etude est importante (figure 3). La robe fauve est dominante 85,1%, alors que les robes sombre, grise et claire sont rares 5,2 % ; 5,7 % et 4,0 %, respectivement.

Les valeurs moyennes des mensurations suivantes (tableau 2): longueur de la tête, largeur de la tête, hauteur au garrot, longueur du corps, pourtour thoracique et longueur de la queue ne sont pas significativement influencés par les localités (P > 0,05). Ainsi, la longueur et la largeur moyenne de la tête sont respectivement de 50,19 ±2,09 cm avec un coefficient de variation de 4,16 % et de 19,12 ± 1,02 cm. La hauteur au garrot moyenne est de 183,95 ± 7,16 cm avec un coefficient de variation de 4,00 %. La hauteur au garrot la plus faible est observée chez les dromadaires de Dourgoulanga (182,60 cm) et le coefficient de variation le plus faible (3,37 %) est enregistré chez les dromadaires de Salal. Le pourtour thoracique des sujets observés est de 177,59 ± 7,83 cm. La longueur moyenne du corps est de 150,62 ± 8,27 cm et un coefficient de variation de 5,5 %. Le pourtour du canon est de 18,20 ± 9,75 cm, avec cependant un CV très élevé (67,72 %) dans la localité de Salal. Enfin, la longueur moyenne de la queue est de 80,91 ± 3,56 cm. La circonférence du cou, circonférence abdominale, profondeur de la poitrine, la circonférence de la cuisse ainsi que le poids vif ont été significativement influencée par les localités (P < 0,05). Il ressort que les dromadaires de la zone sahélienne ont une circonférence moyenne du cou de 78,85 ±5,96 cm, plus faible (P<0,05) dans la localité de Dourgoulanga (76,90 ± 8,59 cm) et plus dispersée (11,17 %) dans la même localité. La circonférence abdominale est significativement plus élevée (P<0,05) chez les dromadaires de la localité de Moussoro 214,49 cm qui en plus se sont montrés plus dispersés (CV = 8,90). En général, la profondeur de la poitrine révèle des variations significatives (P < 0,05) entre les localités de 82,08 à 85,51cm.

De l'analyse des mesures de la circonférence de la cuisse et celles du poids vif des dromadaires de Bahr El Gazal en fonction des localités (tableau 3), il ressort que : la circonférence de la cuisse est de 64,45 ± 4,37 cm. La moyenne de 63,89 cm, significativement (P<0,05) plus faible, est observée dans la localité d'Amsilep. Le CV, le plus élevé est observé chez les dromadaires de Salal (8,36 %) et le plus faible (3,01 %) chez ceux de Chadra. Le poids vif adulte moyen des dromadaires de Bahr El Gazal est significativement (P < 0,05) plus faible (350,59 ± 45,25 Kg) dans la localité de Dourgoulanga et plus élevé (375,43 ± 44,89 Kg) dans la localité de Moussoro, avec une dispersion plus élevée dans la localité de Dourgoulanga (12,90 %) et une moyenne de 359,76 ± 38,42 Kg.

Corrélation entre les mensurations corporelles des dromadaires de Bahr El Gazal

Il ressort de l'étude que, toutes les corrélations sont significatives (P< 0,05) et positives (tableau 4). Le coefficient le plus élevé (0,97) est observé entre la hauteur au garrot et le poids vif et le moins élevé entre la circonférence abdominale et le pourtour du canon (0,21).

Equations barymétriques chez les dromadaires de Bahr El Gazal

Différentes formes d'équations de prédiction de poids vif en fonction de certaines mensurations ont pu être construites sur la base des mensurations (tableau 5). Tel qu'il ressort des analyses, l'équation PV = 4,546 HG – 476,6 semble plus indiquée et nécessite au préalable un test avec un nombre assez élevé d'animaux.

Indices biométriques des dromadaires de Bahr El Gazal

Des différents indices étudiés, seul l'indice de compacité (IC) a été significativement influencé (P < 0,05) par les localités avec une valeur moyenne de 1,950 ± 0,146. L'IC moyen de 2,031 ± 1,199 enregistrée à Moussoro, a été le seul significativement différent et plus élevée que celui des autres localités. L'indice de gracilité sous sternale (IGs), l'indice de format (IF), l'indice de compacité (IC), l'indice massale (IM), l'indice corporel relatif (ICR) et l'indice dactylo-thoracique (IDt) n'ayant pas été significativement (P > 0,05) influencés par les localités. Les valeurs moyennes respectives de l'IGs, l'IF, l'IC, l'IM, ICR et l'IDt sont de 0,049 ± 0,037 ; 0,819 ± 0,051 ; 1,950 ± 0,146 ; 0,966 ± 0.045 ; 0,849 ± 0,056 et 0,109 ± 0,038. Il apparait également que les dromadaires de



Figure 1 : Quelques intérêts socioéconomiques, dromadaire de selle (a) et traction animale (b) au Tchad

Tableau 1 : Effectifs étudiés en fonction des sexes et de la localité.

Localités	Sexe		Total
	Mâles	Femelles	
Amsilep	15	30	45
Chadra	11	26	37
Moussoro	10	37	47
Dourgoulanga	9	34	43
Salal	48	129	177
Total	93	256	349

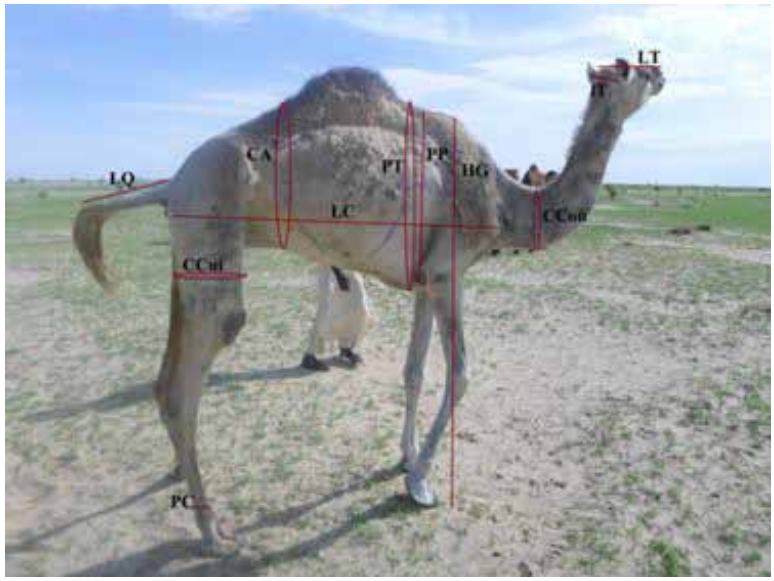


Figure 2 : Mensurations prises sur les dromadaires de Bahr El Gazal



Figure 3: Variantes des couleurs de la robe (nom vernaculaire) dans la zone d'étude

Bahr El Gazal sont moins graciles avec un IGs ≤ 0,90 et eumétriques avec un IF ≤ 0,83.

Corrélations entre les indices biométriques chez les dromadaires de Bahr El Gazal

S'agissant des corrélations entre différents indices biométriques calculés chez les dromadaires de Bahr El Gazal (tableau 6) que les corrélations IGs-IF, IGs-ICR, IF-IC et IC-IM sont significatives (P < 0,01) et positives par contre, les corrélations IGs-IC, IGs-IM, IF-ICR, IF-IM, IC-ICR et ICR-IM sont significatives au seuil (P < 0,01pour IGs-IC) et au seuil (P< 0,05 pour le reste), mais négatives. Cependant, l'IDt n'est pas corrélé avec les tous les autres indices.

Variabilité génétique, structure et relations génétiques entre les populations des dromadaires de Bahr El Gazal

La contribution des 12 composantes principales, correspondant à 12 mensurations utilisées, à la variabilité génétique observée au sein de la population des dromadaires de Bahr El Gazal est donnée (tableau 7). Il ressort de nos analyses que, les 9 composantes permettent d'expliquer 95,40 % de la variabilité observée au sein de la population étudiée. Toutefois, il faut noter que les deux premières composantes (Hauteur au garrot et longueur du corps) contribuent pour 52,07 % de la variance observée au sein de notre échantillon à raison de 38,83 % (hauteur au garrot) et 13,24 % (Longueur du corps).

La conception de la structure de la population grâce à l'AFD a permis de déceler que la population d'étude est constituée de 3 types génétiques nommés A, B et C et de représenter la structure de la population des dromadaires (figure 4). Il en est de même des caractéristiques biométriques de ces 3 types génétiques (tableau 4). Il ressort que le type génétique A possède des caractéristiques élevées, le type B a des caractéristiques moyennes, le type C a des caractéristiques faibles. Le dendrogramme (figure 5), illustre les relations entre les types génétiques en fonction de la variabilité. Ainsi, tout en confirmant la structure de la population, l'arbre phylogénétique a permet d'établir que les types génétiques A et B sont plus rapprochés alors que le type génétique C est plus éloigné de A et B.

Tableau 2 : Moyennes, écart types et coefficients de variation de la circonférence du cou (Ccou), de la circonférence abdominale (CA) et de profondeur de la poitrine (PP) des dromadaires en fonction des localités.

Localités	Ccou (cm)		CA (cm)		PP (cm)	
	X ± E.S	CV (%)	X ± E.S	CV (%)	X ± E.S	CV (%)
Amsilep	78,35 ± 6,04^{ab}	7,7	208,42 ± 9,42^{a}	6,3	82,08 ± 4,86^{a}	5,92
Chadra	79,97 ± 4,85^{b}	6,06	206,32 ± 8,45^{a}	5,54	82,80 ± 4,58^{a}	5,53
Dourgoulanga	76,90 ± 8,59^{a}	11,17	205,28 ± 11,18^{a}	6,36	82,83 ± 6,57^{a}	7,93
Moussoro	79,23 ± 4,92^{ab}	6,21	214,49 ± 19,09^{b}	8,9	85,51 ± 5,12^{b}	5,98
Salal	79,12 ± 5,57^{ab}	7,04	205,77 ± 7,61^{a}	3,7	83,91 ± 5,55^{ab}	6,61
Moyenne	78,80 ± 5,96	7,55	207,28 ±11,21	5,5	80,91 ± 5,51	6,56

^{a,b} : les moyennes affectées de la même lettre sur la même colonne ne diffèrent pas significativement (P > 0,05). X ☐ ± E.S: moyenne et erreur standard. CV : coefficient de variation

Tableau 3 : Moyennes, écart types et coefficients de variation de la de la circonférence de la cuisse (CC) et du poids vif (PV) des dromadaires en fonction des localités.

Localités	CC (cm)		PV (kg)	
	X ± E.S	CV (%)	X ± E.S	CV (%)
Amsilep	63,89 ± 3,73^{a}	5,84	362,80 ± 44,06^{a}	12,14
Chadra	65,08 ± 2,85^{a}	3,01	358,64 ± 34,92^{a}	9,73
Dourgoulanga	64,00 ± 3,24^{a}	5,06	350,59 ± 45,25^{a}	12,9
Moussoro	64,93 ± 2,49^{a}	3,83	375,43 ± 44,89^{b}	11,95
Salal	64,44 ± 5,39^{a}	8,36	357,28 ± 32,77^{a}	9,17
Moyenne	64,45 ± 4,37	6,78	359,76 ± 38,42	10,68

^{a,b} : les moyennes affectées de la même lettre sur la même colonne ne diffèrent pas significativement (P > 0,05). X ± E.S: moyenne et erreur standard. CV : coefficient de variation

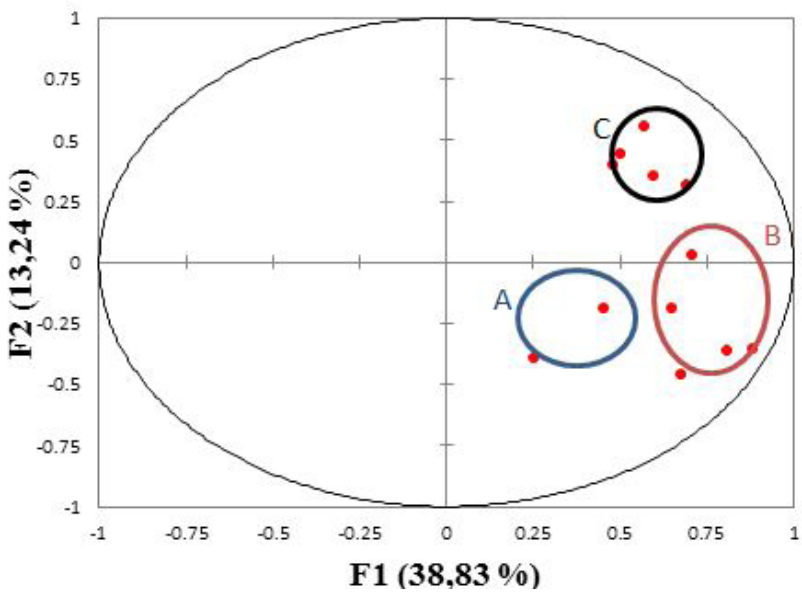


Figure 4 : Structure de la population des dromadaires de Bahr El Gazal

Tableau 4 : Corrélations entre les mensurations chez les dromadaires de Bahr El Gazal

	HG	PV	LC	PT	CA	PC	CCou	LT	Lt	LQ	PP	CCui
HG	1											
PV	0,97**	1										
LC	0,90**	0,86**	1									
PT	0,93**	0,94**	0,90**	1								
CA	0,84**	0,92**	0,73**	0,78**	1							
PC	0,25**	0,25**	0,27**	0,26**	0,21**	1						
CCou	0,87**	0,87**	0,88**	0,89**	0,75**	0,23**	1					
LT	0,91**	0,88**	0,87**	0,91**	0,76**	0,29**	0,83**	1				
Lt	0,85**	0,84**	0,81**	0,86**	0,72**	0,26**	0,81**	0,87**	1			
LQ	0,91**	0,88**	0,87**	0,90**	0,74**	0,27**	0,84**	0,90**	0,86**	1		
PP	0,85**	0,86**	0,84**	0,89**	0,73**	0,26**	0,88**	0,86**	0,85**	0,84**	1	
CCui	0,79**	0,78**	0,81**	0,79**	0,80**	0,22**	0,84**	0,78**	0,76**	0,78**	0,83**	1

*** : P< 0,01.*

***HG** : hauteur au garrot ; **LC** : longueur du corps ; **PT** : pourtour du thorax ; **CA** : circonférence abdominale ; **PC** : pourtour du canon ; **CCou** : circonférence du cou ; **LT** : longueur de la tête ; **IT** : largeur de la tête, **LQ** : longueur de la queue ; **PP** : profondeur de la poitrine ; **CCui** : circonférence de la cuisse.*

Tableau 5 : Coefficients de détermination, formes d'équation et équations de prédiction du poids vif en fonction des mensurations

Formes d'équation	Mensurations	Equations	Coefficient de détermination (R^2)
Linéaire	HG	PV = 4,546 HG – 476,6	0,72
	PT	PV = 3,116 PT – 193,6	0,40
	CA	PV = 2,807 CA – 222,1	0,67
Exponentielle	HG	PV = 36,85e ^{0,012HG}	0,72
	PT	PV = 77,98e ^{0,008PT}	0,41
	CA	PV = 75,46e ^{0,007CA}	0,65
Logarithmique	HG	PV = 841,7ln(HG) – 4028	0,71
	PT	PV = 552,1ln(PT) – 2499	0,40
	CA	PV = 611,0ln(CA) – 2898	0,68
Puissance	HG	PV = 0,002 HG ^{2,293}	0,72
	PT	PV = 0,135 PT ^{1,521}	0,41
	CA	PV = 0,056 CA ^{1,641}	0,67
Polynômiale	HG	PV = 0,016 HG2 – 1,592HG + 93,65	0,72
	PT	PV = 0,017 PT2 – 2,966PT + 346,8	0,40
	CA	PV = 0,019 CA2 + 11,21CA - 1131	0,69

HG : hauteur au garrot ; PT : Pourtour du thorax ; CA : Circonférence ; ln : logarithme népérien ; ex : exponentielle ; PV : Poids vif.

Tableau 6 : Corrélation entre les indices biométriques chez les dromadaires de Bahr El Gazal

	IGs	IF	IC	ICR	IM	IDt
IGs	I					
IF	0,300**	I				
IC	-0,114*	0,288**	I			
ICR	0,447**	-0,717**	-0,364**	I		
IM	-0,997**	-0,325**	0,117**	-0,420**	I	
IDt	0,031	-0,066	0,002	0,084	-0,033	I

***** P < 0,01 ; * P < 0,05***

***IGs** : Indices de gracilité sous sternale ; **IF** : Indice de format ; **IC** : Indice corporelle ; **IM** : Indice de massivité ; **ICR** : Indice corporel relatif ; **IDt** : Indice dactylo-thoracique.*

Tableau 7 : Contribution des 12 composantes principales à l'analyse de la variabilité observée chez les dromadaires de Bahr El Gazal

Composantes principales (CP)	Variables (Mensurations)	Valeur propre	Variance %	Variance cumulée
CP1	Hauteur au garrot	4,66	38,83	38,83
CP2	Longueur du corps	1,59	13,24	52,07
CP3	Pourtour du thorax	1,13	9,46	61,54
CP4	Circonférence abdominale	0,92	7,68	69,22
CP5	Pourtour du canon	0,81	6,76	75,98
CP6	Circonférence du cou	0,76	6,36	82,34
CP7	Longueur de la tête	0,64	5,34	87,68
CP8	Largeur de la tête	0,54	4,55	92,24
CP9	Longueur de la queue	0,38	3,15	95,40
CP10	Profondeur de poitrine	0,29	2,45	97,85
CP11	Circonférence de la cuisse	0,23	1,93	99,79
CP12	Poids vif	0,02	0,20	100,00

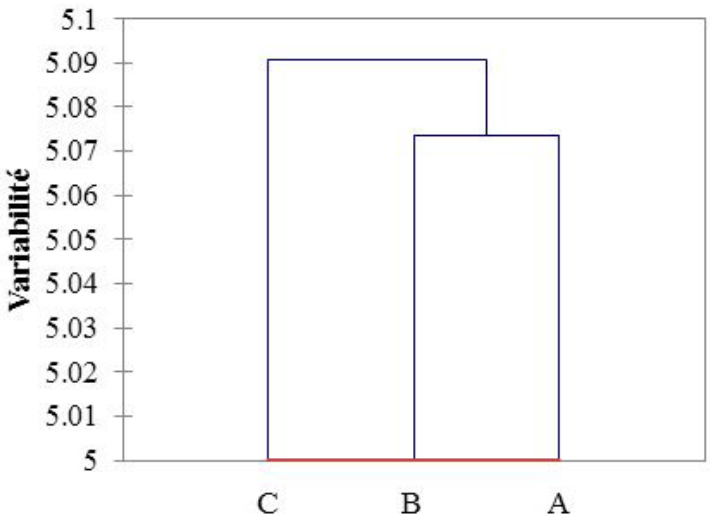


Figure 5 : Dendrogramme phylogénétique de la population des dromadaires de la zone sahélienne

Tableau 8 : Caractéristiques biométriques des 3 types génétiques

Type	HG	LC	PT	CA	PC	CCou	LT	IT	LQ	PP	CCui	PV
A	186,07	150,97	177,81	220,29	23,44	75,93	52,34	20,38	82,06	85,38	64,68	388,10
B	185,00	164,00	180,00	205,00	19,10	81,00	50,00	19,00	82,00	87,00	64,00	361,80
C	180,00	136,00	180,00	200,00	17,00	64,00	52,00	19,00	78,10	75,00	61,00	343,44

HG : *hauteur au garrot,* ***LC :*** *longueur du corps,* ***PT*** *: pourtour du thorax,* ***CA :*** *circonférence abdominale,* ***PC :*** *pourtour du canon,* ***CCou :*** *circonférence du cou,* ***LT :*** *longueur de la tête,* ***IT :*** *largeur de la tête,* ***LQ :*** *longueur de la queue,* ***PP :*** *profondeur de la poitrine,* ***CCui :*** *circonférence de la cuisse,* ***PV :*** *poids vif.*

Discussion

Il ressort de ces résultats que la robe fauve est dominante avec plus de 80 % des sujets étudiés, la robe claire, sombre et grisâtre sont rares avec respectivement (4,0 ; 5,7 et 5,2 %). La hauteur au garrot moyenne des dromadaires de Bahr El Gazal est de 183,95 ± 7,16 cm avec un CV variant de 3,37 à 4,76 %. Babelhadji, (2012) a obtenu une moyenne de 180 cm (CV = 3,3 %) chez les dromadaires Saharoui (Tunisie). Une moyenne de 178 ± 0,12 cm par Oulad Belkhir *et al.,*(2013). En moyenne la longueur du corps (LC) est 150,62 ± 8,27 cm (CV = 5,50 %). L'histogramme de la hauteur au garrot suit une distribution de Gauss avec une étendue de 120 à 220 cm. Le pourtour thoracique (PT) est en moyenne 177,58 ± 7,83 cm (CV = 4,41 %), cependant on observe une variation faible. La moyenne de la circonférence abdominale (CA) est 207,28 ± 11,21cm, la valeur significativement élevée est de 214,49 cm. La longueur de la tête (LT), largeur de la tête (IT), et la circonférence du cou (CCou) moyenne sont respectivement de 50,19 ± 2,09 cm ; 19,12 ± 1,02 cm et 78,85 ± 5,96 cm chez les sujets étudiés. Oulad et al, (2013) a obtenu une longueur de la tête de 50 ± 0,05 cm chez la population de Saharoui et Tergui. L'histogramme de la longueur de la tête suit une distribution de Gauss avec une étendue de 30 à 70 cm. En général la moyenne de la profondeur de poitrine (PP), longueur de la queue (LQ), circonférence de la cuisse (CCui) et le pourtour du canon (PC) est 80,91 ± 5,51 cm ; 80,91 ± 3,56 cm ; 64,45 ± 4,37 cm et 18,20 ± 9,75 cm. La moyenne générale du poids est de 359,76 ± 38,42 avec un CV variant entre 9,17 à 12,14 %. Ces résultats corroborent avec ceux signalés par (Ben, 1989 ; Benyoucef et Bouzegag, 2006 ; Boue, 1949 ; Harek, 2008 et Babelhadji, 2012). Dans notre analyse, le coefficient de variation est inférieur à 13 % pour les caractères quantitatifs à l'exception du pourtour de canon, cela équivaut à une dispersion faible. Harek, (2008) a obtenu un coefficient de variation inférieur à 13 % chez les dromadaires Sud Algérien. Par ailleurs, on note que plus ce coefficient est faible, meilleure

est la précision de l'essai et moins il ya d'erreur dans les résultats (Acouvene *et al.,* 2001). La corrélation est positive et significative entre les mensurations, le coefficient le plus élevé (0,97) est obtenu avec la hauteur au garrot et le poids vif. Pacholek (2011), a obtenu un coefficient de 0,90 chez les dromadaires Touareg du Niger. Un coefficient de 0,99 a été observé chez les dromadaires dans la région Hoggar Sud algérien (Harek, 2008). Pour l'ensemble des observations, la circonférence abdominale (CA) est moins corrélée avec le pourtour du canon (0,21). De manière générale la hauteur au garrot serait donc un bon prédicteur du poids vif chez les dromadaires de Bahr El Gazal, indépendamment des modèles de régression. Par contre, Pacholek (2011), a estimé chez les dromadaires Touareg que le pourtour du thorax est un bon prédicteur du poids. Les équations linéaires, exponentielles, puissances et polynômiales (PV = 4,546 HG – 476,6 ; PV = 36,85e 0,012HG ; PV = 0,002 HG 2,293 ; PV = 0,016 HG2 – 1,592HG + 93,65) expliquent mieux la relation entre la hauteur au garrot et le poids vif. Le coefficient de détermination (R2) varie en général de 0,40 à 0,72. Boue (1949) a obtenu un coefficient de détermination (R2 = 0,571) chez les dromadaires d'Afrique du Nord. Graber (1966) et Field (1980) ont obtenu un coefficient de détermination (R2 = 0,96). Toutefois le coefficient de détermination (R^2 = 0,72) était pratiquement identique indépendamment des types de régression. La diversité morphologique observée au sein de la population étudiée serait un autre élément explicatif. La faiblesse de la précision de certaines régressions serait due à la grande variation des paramètres considérés chez les dromadaires de Bahr El Gazal. L'indice de gracilité sternale (IGs) moyen de 0,037 ± 0,049 est obtenu chez les sujets étudiés et la valeur la plus élevée est 0,050 ± 0,057 dans la localité d'Amsilep. Ces résultats suggère que les dromadaires appartiendraient au groupe de dromadaires les moins graciles (IGs < 90) mais relativement dispersés pour ce paramètre (CV variant entre 98,50 à 127,58). L'IGs laisse envisager l'existence d'une sous population médiope. L'indice de format (IF) et l'indice de compacité (IC) moyen sont respectivement 0,819 ± 0,051 et 1,950 ± 0,146 cm. En terme de variation, les dromadaires de Dourgoulanga sont plus dispersés (CV = 7,64 %) que les dromadaires de Chadra plus homogènes pour l'indice de compacité. Les valeurs moyennes de l'indice de massivité (IM), indice corporel relatif (ICR), et indice dactylo-thoracique (IDt) observés dans notre échantillon sont de 0,9¬66 ± 0,045 ; 0,849 ± 0,056 et 0,109 ± 0,038. Toutes les localités n'ont pas affectées significativement les indices calculés. Les indices biométriques des dromadaires de Bahr El Gazal sont faiblement à fortement corrélé entre eux. La corrélation positive et significative (P< 0,01) a été enregistrée entre IGs et ICP, cependant on remarque une corrélation négative parfaite (P< 0,01) entre IM et IGs soit r = -0,99. De tous ce qui précède l'indice de compacité est apparu faiblement corrélé aux autres indices. L'ACP, basée sur 12 mensurations, montre que les 9 premières permettent d'expliquer à 95,40 % la variabilité observée au sein de la population. Toutefois, il faut noter que les deux premières composantes (Hauteur au garrot et longueur du corps) contribuent pour 52,07 % de la variance observée au sein de notre échantillon à raison de 38,83 % (hauteur au garrot) et 13,24 % (Longueur du corps). C'est pour cette raison que la structure de la population est effectuée en utilisant ces deux premières composantes. L'AFD a permis de déceler que la population d'étude est constituée de 3 types génétiques A, B et C montrant respectivement des caractéristiques élevées, moyennes, et faibles. Faye (2012) a identifié quatre types génétiques des dromadaires en Arabie Saoudite selon les mensurations : type A (Zarga, Safra) caractérisée par une bonne corpulence mais une petite taille, type B (Asail) de grande taille et de forte corpulence mais une mamelle peu développée, type C (Shageh, Awrc, Saheli, Aouadi) de petite corpulence mais avec une mamelle bien développée et un type D (Wadda, Homor, Shaele, Sofor et Majaheem) correspondant aux animaux les plus grands et les plus longilignes. Les différences observées peuvent être due à différentes facteurs, d'une part d'ordre endogène tel que la race, la lignée

ou le sexe et l'état physiologique des animaux et d'autre part d'ordre exogène dont le climat, la disponibilité en aliment la conduite de l'élevage et bien d'autres. L'analyse phylogénétique a permis d'établir que les types A et B sont plus rapprochés alors que le type C est éloigné. Ce rapprochement serait probablement lié à la distance génétique qui existerait entre les 3 types génétiques. Par ailleurs, la population serait constituée de 2 sous groupes avec un sous groupe composé des types A et B et le 2ème constitué du type C uniquement.

Conclusion

Au terme de notre étude dont l'objectif principal était de contribuer à une meilleure connaissance de la biodiversité des dromadaires dans la région de Bahr El Gazal, les principaux résultats de nos observations permettent de conclure que : la coloration des dromadaires de Bahr El Gazal est variable, cependant la robe fauve est dominante alors que, les robes noir, blanche et grisâtre sont rares ; la hauteur au garrot, le pourtour thoracique, la longueur du corps et le poids vif sont estimés à : 183,95 ± 7,16 cm ; 177,59 ± 7,83 cm ; 150,62 ± 8,27 cm et 359,76 ± 38,42 Kg respectivement ; Le coefficient de corrélation positive et significatif ($P < 0,05$) le plus élevé (0,97) est obtenu entre la hauteur au garrot et le poids vif ; L'équation linéaire plus simple avec un coefficient de détermination élevé ($R2 = 0,72$) peut être vérifiée pour la prédiction des poids vif des dromadaires de Bahr El Gazal; l'indice de gracilité sternal, l'indice de format et indice de compacité sont 0,049 ± 0,037; 0,819 ± 0,051 et 1,182 ± 0,074. L'indice de gracilité sternal suggère que les dromadaires de Bahr El Gazal appartiendraient au groupe les moins graciles. Ils sont eumétriques et médiolignes ; l'analyse en composante principale a révélé une grande variabilité génétique au sein de la population des dromadaires et que la hauteur au garrot et la longueur du corps sont plus variables. L'analyse factorielle discriminante a montré que la population est constituée de 3 types génétiques : le type A avec des caractéristiques élevées, le type B ayant des caractéristiques moyennes et le type C aux caractéristiques faibles. L'évaluation génétique tout en confirmant la structure de la population a permis d'établir les relations génétiques qui existent entre les 3 types génétiques. Ainsi les types A et B sont plus rapprochés alors que le type C est plus éloigné. La biodiversité observée au sein des populations des dromadaires de Bahr El Gazal permet de conclure à l'existence des possibilités de sélection comme moyen d'amélioration génétique de cette population.

Références

Acouvene S, Belguedj M, Tama M, Taleb B, 2001. Caractérisation, évaluation de la qualité de la datte et identification des cultivars rares de palmier dattier de la région de Ziban. Revue recherche agronomique, 8 : pp 19 – 39.

Babelhadji B, 2012. Etude ostéo-biométrique de dromadaire : cas de la population Saharoui. Mémoire de fin d'étude : 137p.

Ben AR, 1989. Le dromadaire en Algérie, option Méditerranéenne, 2,: 19-25.

Benyoucef MT, Bouzegag B, 2006. Résultat d'étude de la qualité de la viande de 2 races camélines (Targui et Saharoui) à Ouargla et Tamanraset (Algérie). Annal de l'Institut national agronomique El Harrad, 27 (1-2): 37 – 53.

Bouchel D, Lauvergne JJ, Guibert E, Minvielle F, 1997. Caractérisation morphologique des petits ruminants (Ovins et Caprins) de race locale. Revue MédVét : PP 37 – 46.

Boue A, 1949. Essai de barymétrie chez les dromadaires d'Afrique du Nord. Revue d'élevage et Médecine vétérinaire des pays tropicaux : 3.

Boujenane I, Touati I, Machmoum M, 2008. Mensurations corporelles des chevaux arabe-barbes au Maroc. Rev. Méd. Vét., 159 : 144-149.

Chabchoub A, Landolsi F, Jary Y, 2004. Etude

des paramètres morphologiques de Chevaux barbes de Tunisie. Rev. Méd. Vét, 155 : 31-37.

FAO 2013. Caractérisation phénotypiques des ressources génétiques animales. Directives FAO sur la production et la santé animale, Rome, 11 : 152.

FAO 2009. Food and agriculture organization of the united nation. http://faostat.fao.org.

FAO 2008. L'état des ressources zoo génétiques pour l'alimentation et agriculture dans le monde : PP 320 - 350.

Faye B, Alharary FZ, Alrwaily SH, 2012. Gestion et évaluation du statut énergétique du dromadaire en Arabie Saoudite. Revue des BioRessources, 2 (2).

Faye B, Bonnet P, Charbonnier G, Martin A, 2000. Etat des recherches sur le dromadaire à partir de l'analyse bibliométrique des publications. Cas particuliers des recherches sur le chamelon. Revue. Elev. Med. Vét. Pays Trop., 2000, 53(2):125-131.

Faye B, 1997. Guide de l'élevage du dromadaire. CIRAD-EMVT, Montpellier, première édition : 126p.

Field CR, 1980. Ecology and management of camels, sheep and goats in northern Kenya. Miméo. Nairobi, UNED/MAB/IPAL/United Nations Environnemental Programme: Man and Biosphère, Integrated Project in Arid Lands : 18p.

Graber M, 1966. Etude des certaines conditions africaines de l'action antiparasitaire du thiabendazole sur divers helminthes des animaux domestiques. II. Dromadaire. Rev. Elev. Méd. Pays trop : 19.

Harrek D, 2008. Contribution à l'étude de la diversité génétique des populations camelines (Genre Camelus) dans la région du Hoggar (Sud Algérien). Thèse de Magister : 146p.

Mbaiogaou M, 1998. Etude de l'impact socio-économique du dromadaire (Camelus dromedarius) au Tchad. Thèse de doctorat.

Nicks B, Delfontaine B, Canart B, Vanderbruggen J, Vandenheede M, 2006. Caractéristiques morphologiques des juments de Trait belge. Ann. Méd. Vét, 150 :247-251.

Oulad BA, Chehma A, Faye B, 2013. Phenotypic variability of two principal Algerian camels population (Saharoui et Targui), Emir. J. Food. Agric., 25(3) : 231 – 237.

Oxfam, 2010. Profil des moyens d'existence zone agropastorale avec maraîchage de contre saison. Département du Bahr El-Gazal Sud (Tchad).

Pacholek X, Lancelot R, Lesnoff M, Messard S, 2000. Performances de croissance des chamelons élevés dans la zone pastorale nigérienne. Revue Elev. Méd. Vét. Pays trop, 53 (2) : 189 – 197.

PNDE, 2009. Plan nationale de développement de l'élevage.

Ramet JP., 1993. La technologie des fromages au lait de dromadaire (Camelus dromedarius). FAO production et santé animales.

Roux M, 2006. Algorithmes de classification. Université Paul Cézanne Marseille, France.

Yagil R, 1982. Camels and camel milk. FAO. Animal Production and Health. Publications division, Food and Agriculture Organization of the United Nations. Via delle Terme di Caracalla, Rom, 100 (26).

Youssouf OK, Babiker SA, 1989. The desert camel as meat animals. Meat Science, 26 : 245-254.

A CRITICAL REVIEW OF SUSTAINABLE CONSERVATION OPTIONS FOR ANIMAL GENETIC RESOURCES IN INDIGENOUS PRODUCTION SYSTEMS IN THE AFRICAN REGION

Ahiagbe K M J[1]*,Osei Amponsah R[2] and Botchway P K[2]
[1]Animal Research Institute, Council for Scientific and Industrial Research Ghana
[2]Department of Animal Science University of Ghana, Legon, Ghana

Abstract

The African continent is made up of a land mass of 30.1 million km^2 covering a wide variety of geo-ecological zones. This and other anthropological activities have given rise to a variety of cultures and production systems after centuries of evolution under human and natural selection pressures. Currently the continent harbours about 101 regional transboundary breeds and 2055 local breeds even though the actual figures may be higher. The size and genetic composition of these breeds can only be static under static conditions that are merely hypothetical. Animal genetic resources are subjected to change due to multiple factors such as environmental changes, socio-economic or policy drivers including market trends of livestock products. Current trends indicate a reduction in livestock breeds and species in Africa and thus the most appropriate intervention is conservation. Conservation of Animal Genetic Resources can be achieved by any of the methods including *in situ* conservation, *ex situ in vivo* conservation and cryoconservation. However the species and breed of interest, conservation objectives and goals, available financial, human and technical infrastructure are key factors one considers in selecting a conservation method. Considering the current state of characterisation and capacities for conservation it is clear that *in situ* conservation involving indigenous systems have great potential for African countries such as Ghana. However there are challenges associated with over dependence on dynamic production systems in the continent. Therefore it is important to consider other conservation methods to avoid a big gap between the developed and the developing world in implementing the third strategic priority area of the Global Plan of Action on animal genetic resources. This review evaluates the conservation methods in African context and discusses the interventions needed and innovations available to get the best out of indigenous knowledge and production systems for *in situ* conservation in Sub Saharan Africa for multiple stakeholders in African countries.

Keywords: Africa; germplasm; *in situ* conservation; ex situ conservation; cryoconservation

EXAMEN CRITIQUE DES OPTIONS DE CONSERVATION DURABLE DES RESSOURCES ZOOGÉNÉTIQUES DANS LES SYSTÈMES DE PRODUCTION AUTOCHTONES DE LA RÉGION AFRIQUE

Resume

Le continent africain est constitué d'une masse de terre de 30,1 millions de km2 couvrant une grande variété de zones géo-écologiques. Cette situation et les activités anthropologiques ont donné lieu à une variété de cultures et de systèmes de production, après des siècles d'évolution sous la pression de l'homme et de la sélection naturelle. Actuellement, le continent abrite environ 101 races transfrontalières régionales et 2055 races locales, même si les chiffres réels pourraient être plus élevés. La taille et la composition génétique de ces races ne peuvent être statiques que dans des conditions statiques, lesquelles sont purement hypothétiques. Les ressources génétiques animales sont sujettes à des changements dus à de multiples facteurs tels que les changements environnementaux, les facteurs socio-économiques ou politiques, y compris les tendances des marchés des produits de l'élevage. Les tendances actuelles indiquent une réduction de races et espèces animales en Afrique, ainsi, l'intervention la plus appropriée est

Corresponding authors email: mariestaa@gmail.com

la conservation. La conservation des ressources zoogénétiques peut être réalisée par l'une quelconque des méthodes connues, y compris la conservation *in situ*, la conservation *ex situ in vivo* et la cryoconservation. Cependant, l'espèce et la race d'intérêt, les objectifs et but de la conservation, les infrastructures financières, humaines et techniques disponibles sont des facteurs-clés à prendre en considération dans la sélection d'une méthode de conservation. Compte tenu de l'état actuel de la caractérisation et des capacités de conservation, il est clair que la conservation *in situ*, impliquant les systèmes autochtones, a un grand potentiel pour les pays africains tels que le Ghana. Cependant, il existe des défis associés à la dépendance excessive vis-à-vis des systèmes de production dynamiques sur le continent. Par conséquent, il est important d'envisager d'autres méthodes de conservation pour éviter un grand écart entre les pays développés et les pays en développement dans la mise en œuvre du troisième domaine prioritaire stratégique du Plan d'action mondial sur les ressources zoogénétiques. La présente étude évalue les méthodes de conservation dans le contexte africain et examine les interventions nécessaires et les innovations disponibles pour tirer le meilleur parti des systèmes de connaissances autochtones et des systèmes de production en vue de la conservation in situ en Afrique subsaharienne en faveur de multiples parties prenantes dans les pays africains.

Mots-clés : Afrique ; germoplasme ; conservation *in situ* ; conservation *ex situ* ; cryoconservation

Introduction

Only next to Asia in size African continent covers a land mass of about 30.1 million km^2 (Vörösmarty *et al.,* 2000). This land mass covers various agro ecological zones based on integrated effects of prevailing climate, land elevation and water availability (Fischer *et al.,* 2009). Nearly three quarters of African landmass is home to Livestock-producing agricultural systems (International Food Policy Research Institute, 2013). Main livestock–producing agricultural systems found in Africa are livestock and mixed crop-livestock systems. Robinson *et al.,* (2011) classified livestock producing areas of African continent into nine sub zones based on prevailing climatic zone and predominant production systems for a given area. Livestock systems that are mostly pastoral and are prominent on arid and semi-arid grazing lands while highly heterogeneous mixed crop-livestock systems are scattered throughout Western, Eastern and Southern Africa. Both crop-livestock systems and rangelands are largely rain fed. This suggests that productivity of African livestock production systems whether crop-livestock or pastoral is largely influenced by climatic conditions. Since domestication and spread of livestock species from their wild ancestors from their centres of origin began domestic species that originated or dispersed in Africa became well adapted to these climatic conditions and production systems giving rise to a large variety of domestic livestock breeds in Africa.

Diversity of breeds in Africa

Africa is home to a variety of local and regional transboundary breeds. The report on the State of the Worlds Animal genetic resources (SoW-AnGR) for Food and Agriculture published by Food and Agriculture Organization of United Nations (FAO,2007) available as at the time of compilation of this article provides a critical review of number and state of local and transboundary breeds in seven regions of the world. According to definitions by Food and Agricultural Organization of United Nations, a local breed is a breed that is only found in one country while transboundary breeds are found in more than one country. African continent harbours a total of 508 local breeds belonging to mammalian species including cattle, goat, dromedary etc., and 146 local breeds belonging to avian species (FAO, 2007a). This places African continent at the third place according to total number of local breeds reported for both categories. The number may be higher owing to lack of technical, human resources and policy to maintain herd books or breed data in sub-Saharan Africa.

Africa ranks second for diversity according to total number of regional transboundary breeds exceeding the number



West Africa Short Horn bull (a) *Mature male West African Dwarf goat (b)*

Figure 1: Some regional transboundary breeds of African continet

only for Asia. A regional transboundary breed is found across in any of the seven regions indicated in the report while international transboundary breeds are found in more than one region. The number of regional transboundary breeds reported from Africa was the highest for Cattle, Goat, Ass and Dromedary compared to other regions (FAO, 2007a). This may be due to artificial boundaries created during Colonization and transboundary pastoral system predominant in the region. This also means the need for regional collaboration for conservation of these Animal genetic resources.

West African Short Horn (Figure 1a) popularly known as WASH is a regional transboundary breed found in West Africa and kept predominantly as a beef breed. The body structure is small with thin and short horns (DAGRIS, 2007). West African Dwarf goat also known as djalonke provides a good example of an ancestral breed adapting to humid and hot climatic conditions prevailing from West to Central Africa. Present day West African goat (Figure 1b) has a shorter structure to facilitate thermoregulation in hot and humid climate compared to its ancestors (Domestic Animal Diversity Information System of the Food and Agriculture Organization of the United Nations) (DAD-IS). N'dama is a regional transboundary Cattle breed kept by pastoralists in West Africa of *Bos taurus* type .The breed is trypanotolerant and well adapted to hardy conditions of pastoral system in the region (DAD-IS).

Threats to Animal Genetic Resources (AnGR) diversity in Africa

The existing diversity of local African breeds and remarkable adaptations to low input systems are not immune from emerging threats to livestock diversity. According to Rege and Gibson (2003) the key threats to livestock diversity are replacement of germplasm or crossbreeding with exotic breeds, dynamic conditions in production systems, natural disasters and changes in producer preference due to changes in market and other factors. Rege (1999) identified breed replacement, indiscriminate cross breeding with exotic or other indigenous breeds, social unrest due to wars, disease out breaks, threats to natural habitats due to urbanization and lack of sustainable breeding programmes as the major factors contributing to genetic erosion in African region.

According to Report on State of the Worlds Animal Genetic Resources for Food and Agriculture the total number of reported mammalian breeds that were at a critical stage in Africa was 13 with 26 mammalian breeds were reported to be endangered while 35 previously known breeds were extinct. Twenty three out of mammalian breeds extinct were Cattle breeds (FAO, 2007a). A relatively higher number of Cattle breeds have become extinct compared to other species may be due to loss of tropical rangelands. A high number of 384 mammalian breeds with unknown risk status (FAO, 2007a) indicates that the figures for various risk categories could be higher

than reported. Further this figure is indicative of limited emphasize on research into breed characterisation and maintaining national breed records and their risk status. In case of avian species the two breeds extinct were guinea fowl breeds. This represents a complete or partial loss of gene pool of original populations as Africa is considered as a birth ground of this species. The report also indicated that 113 avian breeds out of a total of 188 breeds were of unknown risk category while 10 breeds were endangered. This situation calls all parties involved to consider conservation not as an option but as an urgent need to safeguard the diversity developed over centuries that also may have solutions to emerging global challenges including climate change.

Who is responsible for Conservation of AnGR Management

Conservation refers to all human activities including strategies, plans, policies and actions undertaken to ensure that diversity of Animal genetic resources (AnGR) are maintained to contribute to food and agricultural production, productivity and other values now and in the future (FAO,2007a). Conservation is neither a set of techniques and tools nor a unilateral exercise with the responsibility of a few but an integrated set

Table 1: An evaluation of roles, challenges and specific examples of involvement in Africa by stakeholders of conservation

Stakeholder	Roles and responsibilities	Challenges	Examples from African countries
1.National Governments	1. Takes initiating and coordinating roles in conservation under legislation for Conservation of biodiversity or livestock subsector reforms including AnGR management 2. Appoints National coordinator and facilitate development of national strategic plans for AnGR management 3. Provide some level of funding for breeding programmes, training etc., 4. Provide incentives etc., for participants 5. Maintenance of own nuclear farms and breeding programs	1. 1.Competeing interests and developmental priorities 2. Lack of training and knowledge of Policy makers in AnGR management	1. Most countries governments report some form of involvement with no specific actions 2. Country report (CR) of Uganda report on development of National Animal Genetic Resource Programme with development of policy framework (2004) 3. Government of Mali has embarked on *in situ* conservation programme for indigenous Cattle breeds in state farms (CR, Mali) 4. Tunisian government took pioneering role in establishing Tunisian National gene bank exhibiting commitment for funding cryo conservation

Stakeholder	Roles and responsibilities	Challenges	Examples from African countries
2. Unversities and research institutions	1. Mantenance of nuclear farms 2. Characterization and cataloguing threatened breeds 3. Mainteance of databases	Budgetary cuts from the states	Country report (CR) Ghana reports on conservation of Ghana Short Horn by Animal Research Institute (2003)
3. Civil society groups and breeders associations	1. Facilitate utilization of local breeds by advocacy 2. Creating niche markets for products from local breeds	In some cases lack of expertise and effective population sizes to maintain and monitor diversity	Involvement of breeder Associations in conservation is rare in Africa. However Boran Cattle Breeders Association provide an example by engaging in monitoring breed standards and searching for new markets (www.borankenya.org)
4. Farmers	1. Take part in *in situ in vivo* conservation by maintaining local breeds	Relatively small herd sizes and lack of knowhow to maintain diversity results in inbreeding	All indigenous farmers participate *in situ* conservation by still depending on local breeds by utilization
5. Breeding companies	1. Take part in improvement and dissemination in improved breeds thus promotes conservation by utilization in a few breeds	Indirectly contributes to genetic dilution to larger extent	

of decisions and actions including changes in policy, attitudes and practices by multiple stakeholders including governments, traditional livestock keepers, entrepreneurs, consumers, breeders, researchers and other organizations. Table 1 summarizes stakeholders, their roles, challenges they encounter particularly in developing world and examples of their participation in conservation of AnGR from African continent. Sustainability and success of conservation at national levels depend on strong institutional framework with adequate human capacity and high level of collaboration within multiple stakeholders. Thus there's a need for all stakeholders in African countries to identify and implement their responsibilities and appreciate the need for concerted efforts to preserve AnGR in Africa. The Global Plan Action for Animal Genetic Resources, developed by FAO (2007) emphasizes on the needed for collaboration and proposes a global strategy coordinated by FAO at national level with a national framework is coordinated by a national coordinator in developing and implementing national strategic plans for sustainable Management of AnGR. However, a review on Country reports by African countries reveals little evidence for National strategic plans developed for conservation of AnGR.

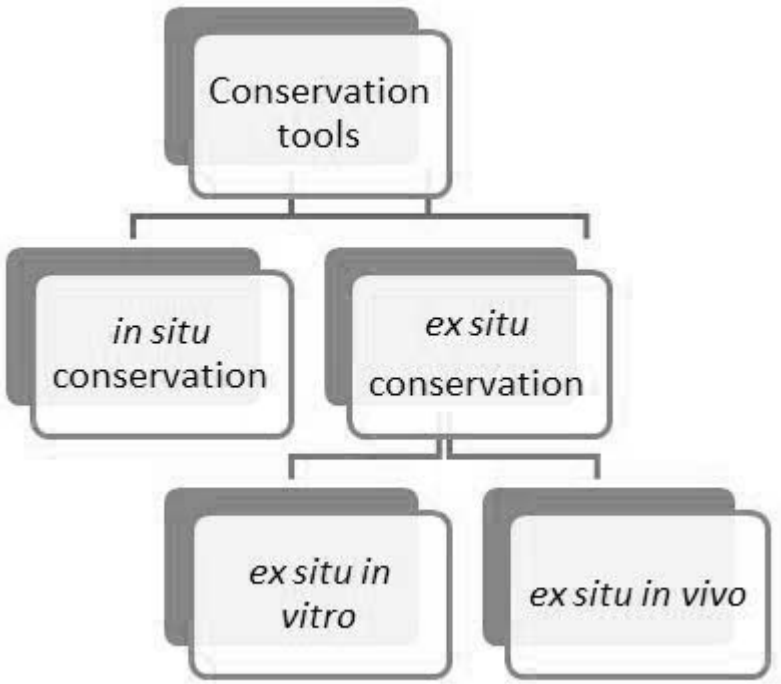


Figure 2: Classification of conservation options

What options are available for conservation?

The tools available for conservation of Animal Genetic Resources can be classified as in the figure 2. Choice of methods should take several factors into consideration including species and breed of interest, conservation objectives and goals, financial, human and technical infrastructure available.Thus there is no all-purpose virtual model for conservation and should be specifically designed to suit a given case. It is also important to note that based on the given scenario application of one method may not be adequate instead an integrated approach can be adopted for sustainability and maintenance of maximum diversity. Individual methods used for conservation, their advantages and disadvantages are discussed in this review in detail.

***In situ* conservation:**

As the name suggests *in situ* conservation refers to the conservation of livestock breeds in their original environment or current environment through continued use by livestock keepers in the respective production system (FAO, 1992). Thus *in situ* conservation refers to conservation by utilization and a population under *in situ* conservation is subjected to environmental dynamics including economic and market oriented changes. Due to conservation of live animals some authors specify this as "*in situ* in vivo" method. With the exception of specific breeds and limited objectives, this is the method of choice for most situations in low input systems due to maintenance of dynamic state (FAO, 2007a). The advantages and disadvantages of in situ conservation are listed in Table 2. Kohler-Rollefson (2004) proposed that community based *in situ* in vivo conservation as the most suitable conservation strategy due to intimate relationship between indigenous livestock keepers, livestock breeds and environment, limited breeding services and infrastructure particularly in the low input systems.

Ex situ conservation

Ex situ conservation refers to conservation methods practiced out of the production system and environment where a given breed originated or currently bred. This includes both maintenance of live animals out of the production system where it is referred to as *ex situ in vivo* and *ex situ* in vitro conservation or cryoconservation (FAO,2007 a). *Ex situ* conservation is crucial for commercially important breeds that are subjected to high selection pressure due to high level of inbreeding within limited number of parents particularly sires that are high performing and commercially less important breeds with limited numbers.

Ex situ in vivo conservation

Ex situ in vivo conservation refers to conservation of live animals or populations in environments other than their current production system but in specific confined locations created by humans such as zoological parks or governmental farms. Therefore *ex situ* approaches demands provision of housing, grazing land or other crop residues for maintenance of viable populations. Usually the numbers of animals conserved by this method are limited due to financial and practical reasons. Due to this reason the population under conservation and available for reproduction is limited and inadequate for natural selection. Therefore there is constant need to enrich the

Table 2: Advantages and disadvantages of *in situ* conservation

Advantages	Disadvantages
1. 1.Allows the breed of interest continually to change and develop in the context of changes in production system	1. Predisposes the breed to natural disasters as they are kept in the natural environment.
2. Offers greater opportunities for research	2. Due to low numbers of reproducing animals alleles with a low frequency is predisposed to disappearance from gene pool
3. Facilitates evolution and adaptation of the breeds to the environment	3. When the population is small the population is susceptible to genetic drift
4. Involvement of owners and livestock keepers facilitate maintenance of indigenous knowledge	
5. Allows the breed to maintain its cultural roles	
6. Allows simultaneous conservation and utilization ,hence ideal for development in rural settings	

Table 3: Advatages and disadvantages of *ex situ in vivo* conservation methods

Advantages	Disadvantages
1. Use of live animals within a controlled location offers insurance against changes in production conditions observed during *in situ* methods	1. Inhibits breed evolution and adaptation in the current production system of the breed
2. Enable research on the conserved breeds	2. Contribution to rural livelihood by sustainable utilization is minimal.
3. Allows controlled selection and mating decisions;	3. Does not safeguard the conserved breeds against natural disasters and diseases
4. Enable opportunity to reconstitute a breed quickly from a smaller gene pool and a limited population	4. Does not safeguard founder alleles from genetic drift
	5. Can be expensive in the long run

diversity within such populations by introducing genetic materials from outside by methods such as artificial insemination and introducing new animals. Hence for effective conservation *ex situ in vivo* conservation methods should be complemented by cryopreservation and needs long term commitment to maintain diversity within the confined population. Advantages and disadvantages of this approach are listed in table 3. This is carried out in many European, Northern American countries. For example Rare breed Survival Trust collaborates with 17 Centers to conserve rare breeds of United kingdom in parks and zoos (FAO, 2007 a). Falge (1996) reported that 124 institutions been involved in *ex situ* conservation in Germany. Examples of *ex situ in vivo* conservation in Africa are few. Country report Ghana reports on conservation of Ghana Shorthorn by Animal Research Institute (Country report Ghana, 2003). Country report of Mali indicated initiation of conservation of Maure, Peul Soudanaians and N'dama cattle breeds in research stations and government farms in Mali (Country report, Mali,2002).

Ex situ in vitro conservation

Ex situ in vitro conservation is also referred to as cryopreservation. This type of conservation includes the collection and preservation of semen, ova, embryos or tissues, by freezing (FAO, 2012). The preserved materials are used for reconstitution of genetic materials through breeding or other reproductive and genetic recombinant methods. Cryopreservation provides options for reconstituting the genetic make-up that are impossible by other means. However the methods demands greater financial resources, infrastructural and technical demands (Gandini *et al.,* 2007). Of particular importance for collection of semen and storage facilities is a constant supply of Liquid Nitrogen. Therefore development of conservation strategies including cryopreservation needs accurate prior needs assessment and assessment of sustainability (FAO, 2012). Croyoconservation is achieved by developing gene banks with facilities to store and process materials such as semen, oozytes, embryos and somatic cells. Semen by far is the most common and first material to be cryoconserved. Semen has been collected and utilized in cattle (Guerrero *et al.,* 2008 ; Guerrero *et al.,* 2009) sheep, goat, rabbit, pig (Spencer *et al.,* 2010) and Chicken (Purdy et al.,2009; Song *et al.,* 2007 ;Blackburn *et al.,* 2009) although by far cattle as a species has benefited most from this type of conservation. In practice followed by collection semen is mixed with salt or sugar solution to obtain a medium near physiological osmolarity. Then solution is preserved in a croyoprotectant such as Glycerine or Dimethyl Sulfoxide (DMSO) to equilibrate to intracellular environment and medium to avoid intracellular ice formation and rupture (Guerrero *et al.,* 2009; Guerrero *et al.,* 2008); The equilibrated mixture is then frozen slowly using programmable freezers or rapidly by technique called vitrification and stored at -1960 C in liquid Nitrogen (Blackburn *et al.,* 2009). Mammalian oozytes can be collected at slaughter or by ovum pick-up after superovulation from live animals (Gupta *et al.,* 2006; Baruselli *et al.,* 2006) and can be processed as in semen with cryoprotectant and frozen either by slow freezing or vitrification. Mammalian embryos have been successfully preserved after pre-treatments with cryoprotectants (Murakami *et al.,*1995 ; Chiasson *et al.,* 2010) followed by slow freezing or vitrification using pulled-straw vitrification technique described by Cognie et al.(2003). This has been applied in cattle, sheep, goat and pigs (Murakami *et al.,* 2006) and some other micro-livestock species (Naik *et al.,* 2005). Tissues from normal vegetative diploid cells can be utilized to restore a clone of an organism existed before with the help of cloning as in the case of Dolly sheep. The technique offers the advantage of restoring a genotype of organism existed before (Murakami *et al.,* 2006 ; Loi *et al.,* 2008) Very low success rates and high cost does not make this technique adaptive at present although there's hope for the future for improvement.

Beside its primary role in cryoconservation gene banks can also aid in aiding breeding programmes, reconstitution

of genetic diversity, genomic research or creating synthetic breeds(FAO,2012). Table 4 summarizes advantages and disadvantages of cryoconservation.

Assessment of capacity for effective conservation in African sub region

A country's' ability to manage its AnGR is primarily a function of existence of sound institutional frame work at the national level. Institutional framework is multifaceted comprising of a national strategic plan, considerable level of knowledge and research in AnGR management, and existence of policy framework for implementation. Although most African countries report appointment of national coordinator they lack strategic action plans for AnGR management. Similarly most African countries has invested in research and education in Agriculture at tertiary level. However specialized expertise in the area of AnGR management in institutions of National Research Systems is limited (FAO, 2007a) . Assessment done by Commission on Genetic resources for Food and Agriculture of FAO prior to preparation of state of the world's AnGR (FAO,2007a) based on the information provided by member states revealed that African countries scored higher aggregate scores only more than near and middle East countries in the areas of infrastructure capacities, participation of local and regional level and awareness of AnGR management while aggregate scores for African countries in the areas of research capacity, existence of legislation and implementation scored the lowest among other regions. Aggregate scores for degree of implementation of Africa was negligible (FAO,2007 a).This clearly indicates that African region has some level of institutional and infrastructural capacity that should be improved with more emphasize on research and put in place measures to implement proposed laws and structures with urgency.

A critical review on past breeding programmes embarked by member African countries reveals the current level of member countries integrating conservation into national breeding programmes. Several country reports (CR) revealed existence of past breeding programmes initiated by government farms (CR Ghana,2003; CR Nigeria, 2004; CR Zambia,2003; CR Mali,2003; CR Cote d'Ivoire,2003). Evidence for breeding programmes involving local breeds was only clearly indicated in CR of Mali. While most of past breeding programmes in these countries involved crossbreeding with exotic breeds and distributing to farmers with no or little monitoring ultimately resulting in indiscriminate breeding. Most of such cross bred animals lacked the capacity to survive in tropical conditions. Sanga breed a cross between West Africa Shorthorn and high yielding dairy breed Friesians is one of the successful crossbreed in the region. Even amidst this success as a breed its effect on genetic erosion might be significant. Until breeding priorities of African government remain cross breeding, dependence of government programmes for integrated breeding and conservation in AnGR may be deceptive.

According to report on state of the Worlds AnGR (2007) it is clear that reasonable effort has been taken for conservation of cattle breeds in vivo although this covers only 28% of total reported local breeds (FAO,2007a). Examples include conservation efforts in Ethiopia for conservation of Boran, Horo and Fogera (CR Ethiopia,2003) Ghana Short Horn by Animal Resarch Institute, Ghana(CR Ghana,2003),Maure, Peul Soundanaians,Peul Toronke and N'dama cattle breeds in Mali(CR Mali,2003).It is not clear whether these figures include conservation efforts from *in situ* conservation by indigenous people. Relatively low level of organized conservation in Africa may be due to lack of population data, identification and recording schemes. Existence of functional gene banks and in vitro conversation is remarkably poor with only nine countries scattered in Northern and Southern Africa reporting in vitro efforts in a few cattle breeds (FAO, 2007a). Such African countries include Tunisia, South Africa, Ethiopia, Kenya and Uganda. (Boettcher and Akin, 2010). The Tunisian National Gene Bank (NGBT) provides an inspiring example to other African countries

who are looking forward to investments in cryoconservation. This was established in 2007 by the Tunisian Government, through the initiative from the Ministry of Environment and Sustainable Development. The purpose was to coordinate and promote all the activities of conservation and sustainable use of plants, animal and micro-organisms biodiversity (Blackburn, 2009). The NGBT collaborates with all institutions, stakeholders and operators in a network with nine commodity groups including Animal genetic resources (Djemali and Bedhiaf, 2010). The commitment of Tunisian government can be seen as an example to other African states as the facility receives 100% national financial support although equal involvement of all stakeholders is described as a priority. One main challenge encountered was the difficulty in establishing collaborations with international agencies (Djemali and Bedhiaf, 2010).

Beside these success stories efforts to establish gene banks in African countries is limited. This may be a reflection of lack of political will and investment in gene banks in the African region due to high capital investment and technical expertise limited in the region. Thus some investment in in vitro conservation tools and increasing technical capacity in National Research Institutes and Universities is a requirement. Countries equally should take steps for investments in renewable energy sector as constant power cuts is a common challenge to all aspects of life some parts of in Africa including potential to embark in in vitro conservation. The need to depend on backup systems for institutional power generation in times of power crisis may further increase running costs of gene banks in the region. While diversification of energy options and increasing domestic energy production should be a priority for African countries increasing investment and depending on in vitro tools for conservation thus may not be a viable option for all African nations present. However establishing regional gene banks with leadership of countries who have managed to overcome such challenges may be a good alternative to establishing and maintaining gene banks at national level.

Considering all these factors and current state of efforts in conservation what would be the most viable strategy for African countries and Africa as a region? Amidst many sectors that African countries have failed to preserve their own AnGR there seem to be a neglected sector which have immensely contributed to conservation of AnGR in Africa. As a result of failure of many African countries to prioritize development in livestock production and natives and pastoralists still depending on local breeds and low input production systems traditional livestock keepers have engaged in *in situ* conservation with little interventions from their governments. This seem to be the most dominant conservation approach prevailing in Africa though not appreciated much in literature. Thus Considering inadequate institutional framework, funding and political will to support conservation and limited capacity in cryopreservation this seems even more useful in most of African countries. However increased dependence on *in situ* conservation as the only form of conservation has its own limitations.

Challenges associated with *in situ* conservation

Due to smaller flock of small holder farmers genetic dilution is common with few males and proportionately greater female numbers. This results in the spread of genotypes of few males. Most of these systems focus on maintenance of the flock instead of improvement by breeding. Avoiding improving breeds by selection while conserving them does not translate into improvement of livelihood making the farmers wanting for higher yielding breeds. An example can be derived from highlands of Nepal where community was involved in conservation with well adopted local breeds for high altitudes. Due to low milk yield locals imported Murah milk buffaloes from low lands of India through traders who select Murahs to sell breeding animals. More than 65 % of families purchase these animals to improve their livelihoods instead of relying on local breeds hence in *in situ* conservation (FAO, 2007 b). Thus when relying on in situ methods

for conservation additional measures should be taken to minimize genetic dilution and to make community based conservation more attractive.

Interventions needed to make *in situ* conservation effective

Maintaining effective population sizes: Smaller population sizes found in small holder farms results in inbreeding resulting in rapid loss of genetic diversity. Thus it is important to maintain a minimum effective sized population to minimize effect of inbreeding. This also helps to minimize accumulation of harmful mutations. After recent researches it is suggested at least 50 individuals should be maintained in a flock to ensure within flock diversity (FAO, 2007 a).

Introduction of narrow sex ratio: Use a larger number of females on one male reduces genetic diversity. Hence narrow sex ratios are preferred for in vivo conservation

Limiting the number of progeny entering the population by individual breeding animals: Although animals with higher litter sizes and low generation intervals tend to reproduce frequently it is important to control the number of offspring per breeding partners to minimize genetic dilution.

Periodic introduction of germplasm in the form of mating animals or semen: This is an additional measure to maintain effective population size and maximize diversity.

Innovations proposed to make *in situ* conservation effective

In practice these can be achieved by improved training in breeding and breeder stock management in community based production systems. In situ in vivo conservation and associated indigenous breeds utility can be facilitated by additional policy and market changes to improve quality. Conservation by utilization also can be promoted by promoting specific Value, advantages of products derived from local breeds and associated systems such as leaner characteristics and flavor. For examples preference for specific flavour in local chicken, Guinea fowl meat and meat from West African Dwarf can be promoted to create or facilitate niche market for products originating from such systems. Emerging preference for leaner meat devoid of antibiotic residues etc., can be utilized to promote similar organic products. Such conservation methods can also be facilitated by promoting supplementary income lines around production systems such as utilization of local breeds in landscape management and ecotourism. Providing incentives for farmer's involved *in situ* conservation has been another strategy for facilitating them. This has largely restricted to European countries. In developing countries the political will to divert limited resources to conservation does not seem to be practical. However there's still room such as provision of free veterinary services, tax exemptions if there's is strong political will even in the developing world.

Higher productivity observed with exotic breeds comes with obligatory requirement for managing them with more inputs. However small holders are used to low input systems where less investment is made for increasing productivity by improving housing, health management etc., If improved local breeds are raised under improved systems they may perform as good as exotic breeds or even better. Thus an accurate economic analysis of such systems with improvements in production system as compared to dependence of exotic breeds may change the perception of producers on local breeds.

Thus concerted efforts from public research institutions to characterize local breeds with accurate economic analysis and further establishing high productive breeds from local breeds while maintaining parent stock for conservation, and dissemination to farmers may seem to a better option to facilitate sustainable use and conservation of local breeds. Promoting other socio-economic roles of local breeds is another step to facilitate in situ conservation. Gandini and Villa (2003) highlights the importance of specific livestock breeds in religious and cultural practices.

Concluding remarks

A critical analysis of the principals, methods advantages and disadvantages suggest that none of the methods of conservation are exclusive but should be integrated in varying degrees to achieve the conservation objectives. It is also clear that *in situ* conservation remain the best option for African countries such as Ghana. However it is important that other two methods should be given some level of consideration to avoid a big developmental gap between the developed and the developing world and to avoid ironic but a possible situation of dependence on the West for breeds in the future developed from indigenous breeds from Africa that are wide spread locally at present.

Refrences

Baruselli PS, Sa Filho M, Martins CM, Nasser LF, Nogueira MFG, Barros CM and Bo GA. 2006. Superovulation and embryo transfer in *Bos indicus* cattle. Theriogenology, 65: 77–88.

Blackburn HD, Silversides F, Purdy PH. 2009. Inseminating fresh or cryopreserved semen for maximum efficiency: Implications for gene banks and industry. Poultry Science, 88: 2192–2198.

Boettcher PJ and Akin O (2010). Current arrangements for national and regional conservation of animal genetic resources. Journal of Animal Genetic Resources. 47: 73–83.

Chiasson MK, Carter JA, Bondioli KR, Godke RA and Gentry GT. 2010. Laser-assisted zona pellucida hatching in frozen-thawed bovine embryos. Reproduction Fertility Development, 22: 244.

Cognié Y, Baril G, Poulin N and Mermillod P 2003. Current status of embryo technologies in sheep and goat. Theriogenology, 59(1): 171–188.

Country report, Cote d'Ivoire, 2003. Available in DAD-IS library at www.fao.org/dad-is/
Country report, Ethiopia, 2003. Available in DAD-IS library at www.fao.org/dad-is/

Country report, Ghana, 2003. Available in DAD-IS library at www.fao.org/dad-is/

Country report, Mali, 2002 Available in DAD-IS library at www.fao.org/dad-is/.

Country report, Nigeria, 2004 Available in DAD-IS library at www.fao.org/dad-is/.

Country report, Uganda, 2004. Available in DAD-IS library at www.fao.org/dad-is/.

Country report, Zambia, 2003 Available in DAD-IS library at www.fao.org/dad-is/

DADIS, 2015. Domestic Animal Diversity Information System (DADIS), Food and Agriculture Organization of the United Nations. Available at: http://www.fao.org/dadis

DAGRIS 2007. Domestic Animal Genetic Resources Information System (DAGRIS). (eds. S. Kemp, Y. Mamo, B. Asrat and T. Dessie). International Livestock Research Institute, Addis Ababa, Ethiopia. Available at:http://dagris.ilri.cgiar.org

Falge, R 1996. Haltung und Erhaltung tiergenetischer Ressourcen in Ex-situ-Haltung in Zoos und Tierparks. (Maintenance and conservation of domestic animal resources, *ex situ*, in zoos and domestic animal parks.) In F. Begemann, C. Ehling & R. Falge, eds. Schriften zu genetischen Ressourcen, 5 (Vergleichende Aspekte der Nutzung und Erhaltung pflanzen – und tiergenetischer Ressourcen), 60–77. Bonn, Germany. ZADI.

FAO. 1992. *In situ* conservation of livestock and poultry, by E.L. Henson. Animal Production and Health Paper No. 99. Rome.

FAO.2007a. The state of the world's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by Barbara Richkowsky and Dafydd Pilling. Rome.

FAO. 2012, Cryoconervation of animal genetic resources, FAO Animal Production and Health Guidelines. No 12.Rome.

Fischer G, Shah M, van Velthuizen H, and Nachtergaele F, 2009."Land Use Planning: Agro-ecological Zones Assessment." In Land Use, Land Cover and Soil Science, Vol. III, edited by W. Verheye. Oxford, UK:UNESCO/EOLSS.

Gandini GC and Villa E 2003. Analysis of the cultural value of local livestock breeds: a methodology.

Journal of Animal Breeding and Genetics, 120(1): 1–11.

Gandini, G, Pizzi, F, Stella, A & Boettcher, P.J. 2007. The costs of breed reconstruction from cryopreserved material in mammalian livestock species. Genetics Selection Evolution, 39: 465–479.

Global Plan Of Action for Animal Genetic Resources and The Interlaken Declaration, Commission On Genetic Resources For Food And Agriculture, Food And Agriculture Organization Of The United Nations. Rome, 2007.

Guerrero CA, Gentry GT, Saenz J, and Godke RA 2009. Birth of calves after artificial insemination with cryopreserved bovine caudal epididymal spermatozoa harvested from a postmortem bull. Reproduction Fertility Development, 21: 105–106.

Guerrero CA, Smith J, Lynn JW, Bondioli KR and Godke RA 2008. Birth of a calf after intracytoplasmic sperm injection (ICSI) with frozen-thawed epididymal sperm from a postmortem bull. Reproduction Fertility Development, 20: 216.

Gupta, V., Manik, R.S., Chauhan, M.S., Singla, S.K., Akshey, Y.S. & Palta, P. 2006. Repeated ultrasound-guided transvaginal oocyte retrieval from cyclic Murrah buffaloes (Bubalus buba lis): oocyte recovery and quality. Animal Reproduction Science, 91: 89–96.

International Food Policy Research Institute, 2013. Atlas of African Agriculture. Washinton.

Köhler-Rollefson, I. 2004. Farm animal genetic resources. Safeguarding national assets for food security and trade. Summary Publication about four workshops on animal genetic resources held in the SADC Region. FAO/GTZ/CTA.

Loi P, Matsukawa K, Ptak G, Clinton M, Fulka J Jr. and Arav A 2008. Nuclear transfer of freeze-dried somatic cells into enucleated sheep oocytes. Reproduction of Domestic Animals, 43 (Suppl. 2): 417–422

Murakami M, Ferguson CE, Perez O, Boediono A, Paccamonti D, Bondioli K and Godke RA 2006. Transfer of inner cell mass cells derived from bovine nuclear transfer embryos into the trophoblast of bovine in vitro-produced embryos. Cloning and Stem Cells, 8: 52–60.

Nagashima H, Hiruma K, Saito H, Tomii R, Ueno S, Nakayama N, Matsunari H and Kurome M 2007. Production of live piglets following cryopreservation of embryos derived from in vitro-matured oocytes. Biology of Reproduction, 76: 900–905.

Nagashima H, Kashiwazaki N, Ashman RJ, Grupen CG. and Nottle MB 1995. Cryo- preservation of porcine embryos. Nature, 374: 416.

Naik, B.R., Rao, B.S., Vagdevi, R., Gnanprakash, M., Amarnath, D. & Rao, V.H. 2005. Conventional slow freezing, vitrification and open pulled straw (OPS) vitrification of rabbit embryos. Animal Reproduction Science, 86: 329–38.

Purdy PH, Song Y, Silversides FG and Blackburn HD 2009. Evaluation of glycerol removal techniques, cryoprotectants, and insemination methods for cryopreserving rooster sperm with implications for breed and/or line regeneration. Poultry Science, 88: 2184–2191.

Rege JEO. 1999. The state of African cattle genetic resources I. Classification framework and identification of threatened and extinct breeds. Animal Genetic Resources Information, 25: 1–25.

Rege JEO, Gibson JP, 2003. Animal genetic resources and economic development: issues in relation to economic valuation. Ecological Economics, 45(3): 319–330.

Robinson TP, Thornton PK, Franceschini G, Kruska RL, Chiozza F, Notenbaert A, Cecchi G, Herrero M, Epprecht M, Fritz S, You L, Conchedda G, and See L, 2011. Global Livestock Production Systems. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations and International Livestock Research Institute. Available at: http://www.fao.org/docrep/014/i2414e/i2414e.pdf.

Song Y and Silversides FG 2007a. Offspring produced from orthotopic transplantation of chicken ovaries. Poultry Science, 86: 107–111.

Song Y and Silversides FG 2007b. Production of offspring from cryopreserved chicken testicular tissue. Poultry Science, 86: 1390–1396.

Spencer KW, Purdy PH, Blackburn HD, Spiller SF, Stewart TS and Knox RV 2010. Effect of number of motile frozen-thawed boar sperm and number

of fixed-time inseminations on fertility in estrous synchronized gilts. Animal Reproduction Sciences, 121: 259–266.

Vörösmarty CJ, Meybeck M, Lammers RB, 2000. Global system of rivers: Its role in organizing continental land mass and defining land-to-ocean linkages. Global Biogeochemical Cycles, 14(2):599.

PHANÉROPTIQUE ET ZOOMÉTRIE CHEZ QUATRE TYPES GÉNÉTIQUES DE POULES LOCALES DES HAUTES TERRES DE L'OUEST CAMEROUN.

Keambou T.C. [1]* and Manjeli Y[2].
[1]University of Buea, Faculty of agriculture and Veterinary Medicine, PO Box 63, Buea – Cameroon
[2]University of Dschang, faculty of Agronomy and Agricultural Science, P.O Box 222 Dschang, Cameroon

Résumé

Dans la perspective de l'amélioration génétique de la poule locale du Cameroun, une étude de la diversité phanéroptique et zoométrique a été conduite dans les Hautes Terres de l'Ouest Cameroun. Il ressort de cette étude que la coloration du plumage de la poule local des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun est très variée ; les principales couleurs dominantes étant le noir (17,2%), le blanc (15,3%) et le doré (12,9%). Le plumage est de type lisse (69,9%) ou soyeux superficiel (30,1%). Le type génétique à l'emplumement normal est largement représenté (66,0%), suivi du tarse emplumé (22,9%), huppé (10,0%) et une minorité de cou-nus (1,1%). Les crêtes, à prédominance de type simple (81,1%) ont une coloration essentiellement rouge, comme les barbillons (87,8%). Les oreillons quant à eux sont rouges (40,3%) ou blancs (35,6%). Le bec est soit courbe (66,1%) ou droit (33,9%), avec des colorations allant du vert (0,48%) au corne (48,7%). Le développement du bréchet est considéré comme supérieur à la moyenne chez 15,7% d'individus. La peau et les pattes sont essentiellement blanches mais peuvent aussi être roses, jaunes, pigmentées noir ou bleues aciers (pattes). La coloration des yeux est surtout orangée (58,2%) et la face majoritairement rouge (75,9%). Le poids moyen des poules adultes est de 1458 ± 342 g avec un coefficient de variation de 23,5%. Les mâles sont en moyenne 31,1% plus lourds que les femelles. Toutes les mensurations corporelles sont significativement ($p<0,01$) plus élevées chez les coqs. Ces mensurations varient également avec le type génétique et sont plus élevées chez le type à tarses emplumés. Il existe beaucoup de corrélations significatives entre les mensurations corporelles chez tous les types génétiques, ce qui a permis de générer des équations de régressions de prédiction du poids vif sur la base de ces mensurations. Les plus importantes de ces équations sont de type exponentiel, logarithmique ou en puissance, avec des coefficients de détermination variant de 0,3 à 0,7, dépendamment du type de régression et de la variable mesurée. De cette importante diversité peut s'opérer une sélection avantageuse au sein de chaque type génétique, qui, suivie de la fixation des caractères et de la création des souches dans un programme d'amélioration génétique savamment mené, pourra faire de la poule locale du Cameroun une source moins chère et disponible de protéines animales de qualité.

PHANEROPTIC AND ZOOMETRY IN FOUR GENETIC TYPES OF LOCAL CHICKENS FROM THE WESTERN HIGHLANDS OF CAMEROON.

Abstract

Within the perspective of the genetic improvement of local chicken in Cameroon, a study of phaneroptic and zoometry was conducted in the Western Highlands of Cameroon. It comes out that plumage coloration of local chicken in the Western Highlands of Cameroon is varied; the main dominant colors are black (17.2%), white (15.3%) and gold (12.9%). The plumage is of smooth type (69.9%) or superficial silky (30.1%). The normal feathering genetic type is largely represented (66.0%), followed by feathered tarsus (22.9%), crested (10.0%) and a minority of naked-neck (1.1%). The crests, predominantly of simple type (81.1%) were mainly red, as the wattles (87.8%). Ear lobes are red (40.3%) or white (35.6%). The beak is curved (66.1%) or straight (33.9%), with colours ranging from green (0.48%) to the horn-like (48.7%). The development of the chest is considered higher than average in 15.7% of individuals. Skin and legs are

*Corresponding author email: christike2002@yahoo.fr / keambou.tiambo@ubuea.cm

mostly white but can also be pink, yellow, black pigmented or steel blue (legs). Eyes are mostly of orange colours (58.2%) and the face predominantly red (75.9%). The average weight of adult chicken was 1458 ± 342 g with a variation coefficient of 23.5%. Males are 31.1% heavier than females. All body measurements were significantly ($p < 0.01$) higher in roosters. These measurements also varied with the genetic type and are higher in the feathered tarsus chicken. There exist a lot of significant correlations between body measurements in all genetic types, which helped to generate predictive regression equations of body weight on the basis of these measurements. The most important of these equations are of exponential, logarithmic and power type, with coefficients of determination ranging from 0.3 to 0.7 depending on the type of regression and the measured variable. From this important diversity can be make an advantageous selection within each genetic type, which, followed by fixation of traits and creation of strains in a cleverly conducted genetic improvement program, will make the local chicken from Cameroon a cheaper and available source of high quality animal proteins.

Introduction

Dans les pays en développement, la production avicole en milieu rural revêt une importance très significative en tant que première source d'approvisionnement des populations en protéines animales et comme source de revenu, particulièrement chez les femmes (Zaman *et al.,* 2004). La promotion de l'aviculture villageoise et l'amélioration graduelle des performances zootechniques des volailles peuvent être à la fois source de développement économique et de sauvegarde de la biodiversité (FAO 1998 ; Bouchardeau et Calet 1970).

Au Cameroun, l'élevage de la poule locale telle que rencontrée dans tous les villages est essentiellement du type extensif. Malgré toutes les faiblesses que peut présenter ce système et les contraintes de sa production telles que décrites par Sonaiya (1990) et Msoffe et al. (2002), la poule locale constitue près de 80% du cheptel avicole national au Cameroun et elle est élevée dans près de 70% des ménages ruraux (Ngou Ngoupayou 1990; Tchoumboue *et al.,* 2000). Cependant, la poule locale du Cameroun en général n'est pas suffisamment connue de la communauté scientifique, car elle n'est pas suffisamment caractérisée. Il est par ailleurs admis que la pression des métissages avec les races exotiques fait régner en permanence un risque d'érosion génétique. Cette poule n'a jusqu'ici été soumise qu'à la sélection naturelle, ce qui explique la grande variabilité et adaptabilité qui lui sont communément accordées.

L'absence de connaissance des différents types génétiques de poules locales et des contraintes liées à leur production rend extrêmement difficile l'exploitation rationnelle de leurs gènes et la mise sur pied d'un programme de développement qui puisse bénéficier aux populations locales. Il y'a donc nécessité de procéder à l'inventaire, caractérisation et catalogage de la poule locale.

L'objectif de cette étude est de contribuer à la connaissance de la diversité avicole locale du Cameroun. Plus spécifiquement, elle se propose de décrire la diversité morphobiométrique de la poule locale dans les Hautes Terres de l'Ouest Cameroun.

Matériel et méthodes

Données géo-climatiques de la Zone d'étude

Notre étude s'est déroulée dans les Hautes Terres de l'Ouest Cameroun, située entre 5° et 7° LN et 8° et 20° LE. Les travaux de caractérisation se sont déroulés dans différentes zones urbaines et rurales de la région de l'Ouest Cameroun (figure 25).

Les Hautes Terres de l'Ouest Cameroun sont situées dans la zone soudano-guinéenne d'altitude. Elles sont caractérisées par un relief très diversifié dont l'altitude varie de 800m (au Nord de Foumban) à 2740 m au sommet du massif volcanique des Bamboutos. La température varie de 16 à 27°C et l'hygrométrie oscille entre 40% pour les mois les plus secs (janvier-février) et 100% pour les mois les plus humides (juillet-août). La pluviométrie moyenne annuelle est de 1900 mm avec un maximum de 2630 mm et un

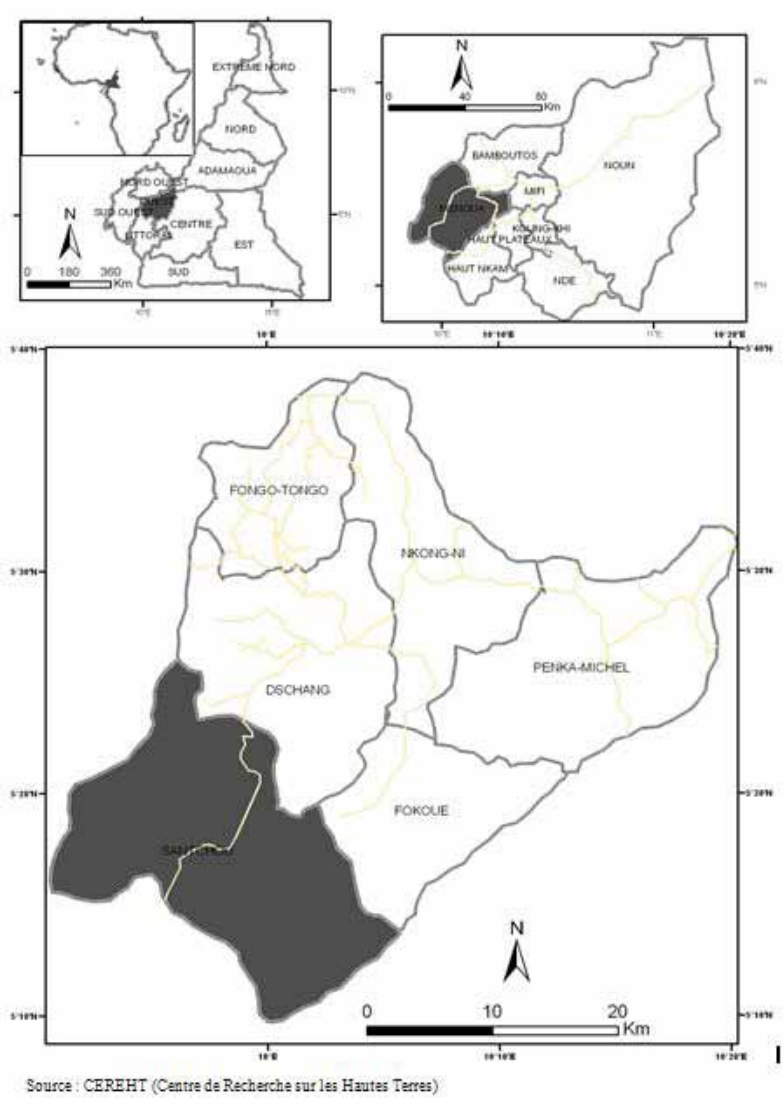


Figure 1: Situation géographique de la zone d'étude.

minimum de 1179 mm. Le climat est de type soudano-guinéen, modifié par l'altitude. On y rencontre deux saisons : une saison sèche allant de novembre à mi-mars et une saison pluvieuse allant de mi-mars à octobre. La végétation est du type savane arbustive avec des galeries forestières par endroits. Les sols, assez fertiles dans l'ensemble, supportent des cultures continues. Ces cultures favorisent l'expansion démographique. La densité moyenne des populations est de l'ordre de 200-250 habitants au Km2. Celle-ci est bien au-dessus de la moyenne nationale qui se situe autour de 25 habitants au Km2 (Djoukam et Teguia, 1991).

Collecte des données

Des poules locales adultes des élevages et des marchés urbains, périurbains et ruraux ont servi à la réalisation de l'étude. L'enquête a porté sur un total de 507 animaux adultes dont 91 en milieu rural (48 femelles et 43 mâles) et 416 en milieu urbain (233 femelles et 183 mâles). La collecte des données quantitatives a été faite à l'aide d'une balance digitale, d'un pied à coulisse de précision 0,02mm et d'un

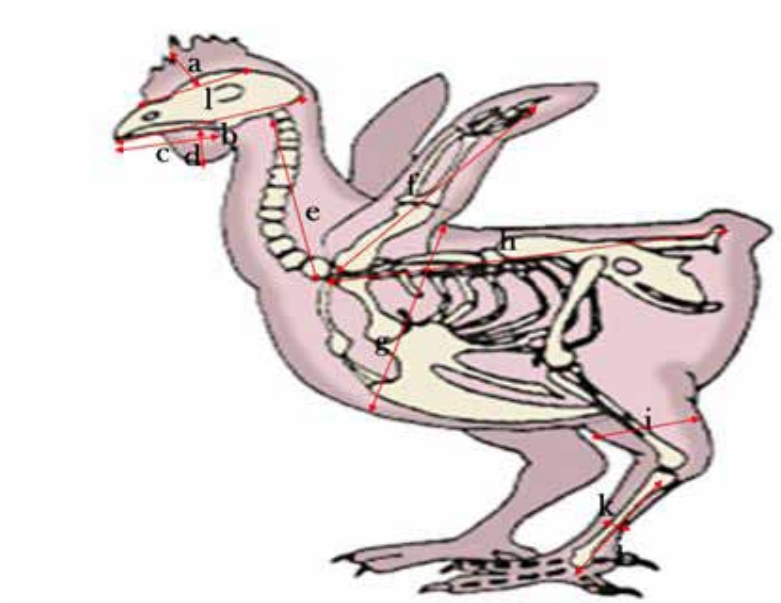
mètre ruban. Les caractères qualitatifs ont été décrits à l'aide des observations visuelles (FAO, 1981).

Les données ont porté sur le sexe et le poids de l'animal, les caractéristiques de l'emplumement (type, couleur, répartition sur le corps, etc.), de la crête (type, hauteur, longueur et couleur), les dimensions et la couleur du barbillon et des oreillons, la couleur des yeux, la couleur et la forme du bec, les caractéristiques des pattes (couleur, développement du pilon, longueur et diamètre du tarse, nombre de doigts), la couleur de la peau, la longueur du corps et de l'aile et le périmètre thoracique, et l'état de développement du bréchet par la méthode de palpation.

Les différentes mensurations corporelles individuelles (enregistrées sur une fiche de description préparée suivant les recommandations de la FAO (1981)) ont été effectuées sur les bases suivantes:

- Longueur corporelle : distance entre le bout de la mandibule supérieure et celui de la queue (sans plume) au niveau du pigostyle ;
- Périmètre thoracique : circonférence de la poitrine prise en dessous des ailes et au niveau de la région saillante du bréchet ;
- Longueur de l'aile : longueur de l'aile étendue depuis la jonction de l'humérus à la colonne vertébrale jusqu'au bout de l'aile (sans plume) ;
- Longueur du bec : distance entre le bout de la mandibule supérieur et la commissure des deux mandibules ;
- Longueur du tarse : distance entre le calcanéum et la cheville.

La figure 26 présente l'ensemble des mensurations de la poule qui ont été considérées dans la présente étude.



Légende

a = *hauteur de la crête*
b = *longueur de la tête*
c = *longueur du bec*
g = *diamètre du thorax*
h = *longueur corporelle*
i = *diamètre du tarse*

Figure 26: Mensurations corporelles chez la poule

Les paramètres étudiés ont été les caractéristiques morphologiques (type, forme, coloration etc.) et les caractéristiques biométriques (poids, mensuration des différentes parties du corps) exprimées en fonction du sexe et du type génétique.

Résultats

Caractéristiques morphobiométriques

Les enquêtes ont montré que quatre principaux types génétiques, distingués en fonction de leur emplumement (normal, tarse emplumé, huppé et cou nu ; figure 27), constituent la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun. La pénétrance et l'expressivité des gènes responsables de la détermination de ces principaux types génétiques varient d'une population à l'autre. Il en est de même que des autres caractères visibles, faisant des populations des poules locales des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun des groupes très hétérogènes.

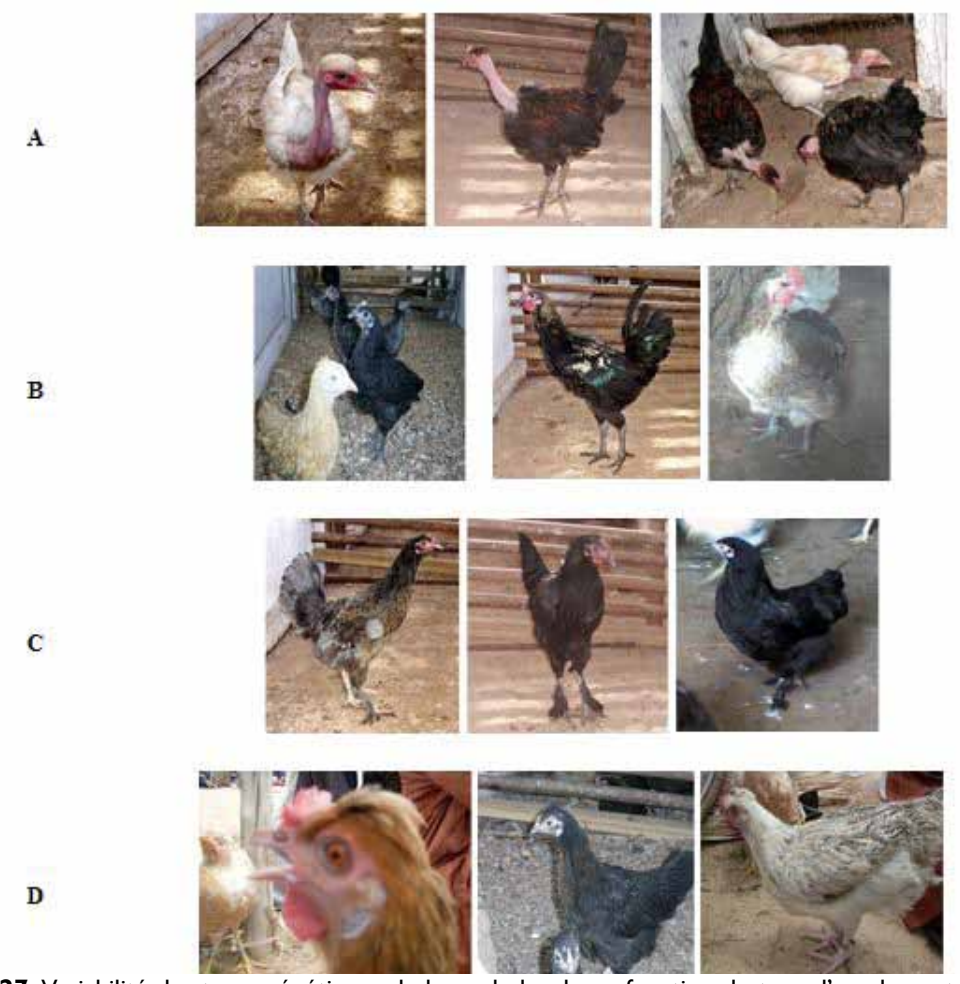


Figure 27: Variabilité des types génétiques de la poule locale en fonction du type d'emplument dans les Hautes Terres de l'Ouest Cameroun: cou nu (A), emplumement normal (B), tarse emplumé (C), et huppé (D).

Il ressort de la figure 27 que chaque type génétique présente une grande variabilité de motif de plumage.

La figure 28 illustre la répartition des différents types génétiques de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun.

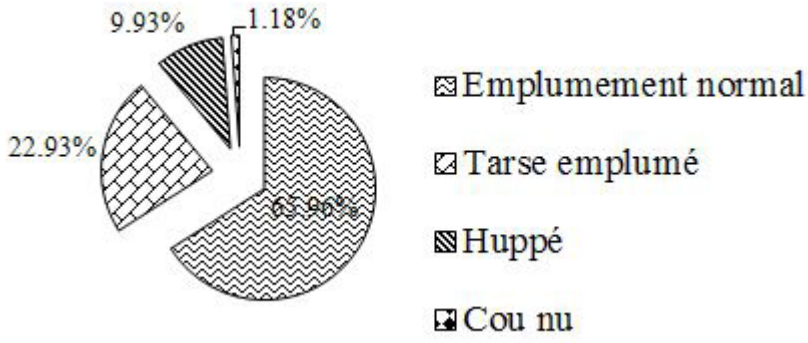


Figure 28: Fréquence des types génétiques de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

La poule à emplumement normal représente près de 2/3 de l'effectif de la population totale de poule locale dans les Hautes Terres de l'Ouest Cameroun (figure 28), suivie respectivement par les types génétiques à tarse emplumé, huppé et une très faible proportion d'animaux à cou nu.

Structure du plumage

La figure 29 présente la distribution de la structure du plumage en fonction du sexe chez les différents types génétiques de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun.

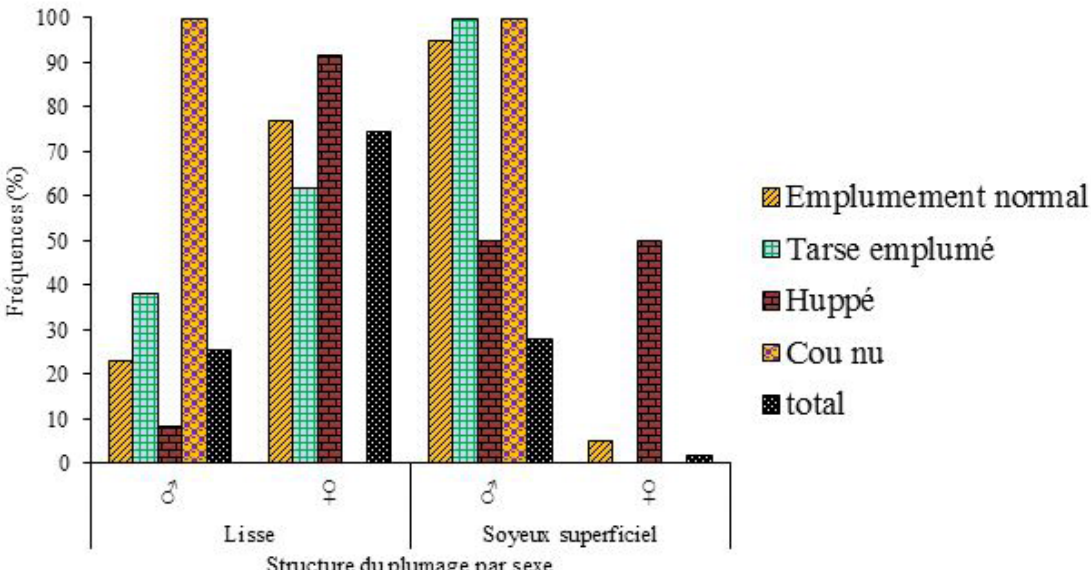


Figure 29: Distribution de la structure du plumage en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun



Lisse *Soyeux superficiel*

Figure 30: Structure du plumage

Indépendamment du type génétique, la structure du plumage est majoritairement lisse (70,0%), mais peut aussi être soyeuse superficielle (Fr, rémiges effilochées, 30,0%). Il est par ailleurs constaté que le plumage lisse se rencontre beaucoup plus chez les femelles (74,3%), alors que les coqs ont presque exclusivement un plumage soyeux superficiel (93,7%). La figure 30 illustre les structures de plumage de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun.

Coloration du plumage

Un total de 17 colorations majeures du plumage ont été répertoriées au sein de la population de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun (figure 31). Ces différents coloris de plumage sont représentés chez tous les types génétiques de poule. Les couleurs les plus représentées indépendamment du type génétique et du sexe ont été respectivement noire (16,8%), blanche (15,2%) et dorée (13,2%). Si la proportion de la couleur noire du plumage est trois fois plus élevée chez les femelles que chez les coqs, l'inverse est observé pour la coloration dorée, qui en plus se rencontre chez tous les types génétiques. Les colorations intermédiaires sont celles dont les fréquences sont comprises entre 5,0 et 9,9% indépendamment du type génétique et du sexe, elles comprennent les couleurs sauvage (5,9%), acajou (9,3%), brune (9,3%) et rouge (9,9%). Il est également rencontré dans cette population un très grand nombre de colorations minoritaires avec des fréquences variant entre 0,5% et 5,0%. Ces colorations sont diversement représentées au sein des différents types génétiques.

En général, les colorations claires ou attrayantes du plumage prédominent chez les coqs de tous les types génétiques. Ceci serait certainement un dimorphisme lié aux effets des hormones sexuelles mâles.

Types et colorations de la crête

Il ressort de la figure 32 présentant la distribution des types de crêtes en fonction du sexe chez les types génétiques de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun, qu'indépendamment du type génétique et du sexe, la crête est très majoritairement du type simple (81,3%), mais peut aussi être rose hérissée (10,6%), rose lisse (4,0%), double (0,7%) ou triple (3,3%). Si la crête rose lisse est prédominante chez les femelles (88,2%), l'inverse est observé pour les crêtes doubles qui sont majoritaires chez les mâles (66,7%), alors que la forme en triplex de la crête n'est rencontrée que chez les mâles.

La figure 33 présente la distribution des couleurs de crête en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun.

Indépendamment du type génétique, la crête est majoritairement rouge (88,2%) et équitablement répartie entre les mâles et les femelles. La crête peut aussi être rose (8,0%) ou pigmentée (3,8%). Ces deux dernières colorations de la crête se retrouvent surtout chez les femelles (94,1 et 93,8% respectivement) indépendamment du type génétique.

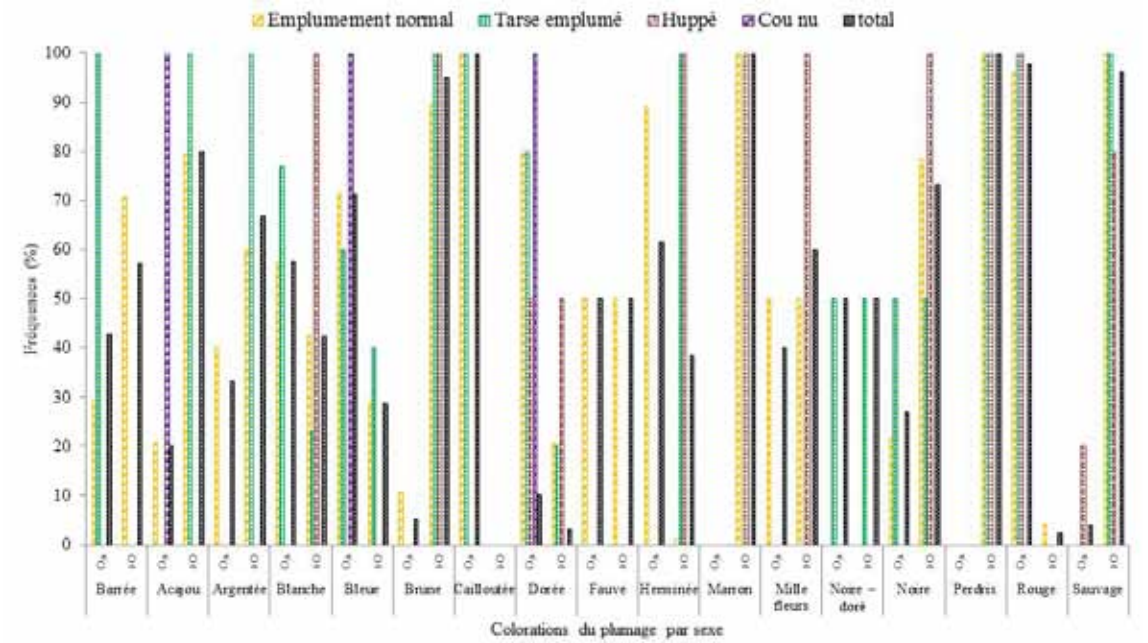


Figure 31 : Distribution de la couleur du plumage en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

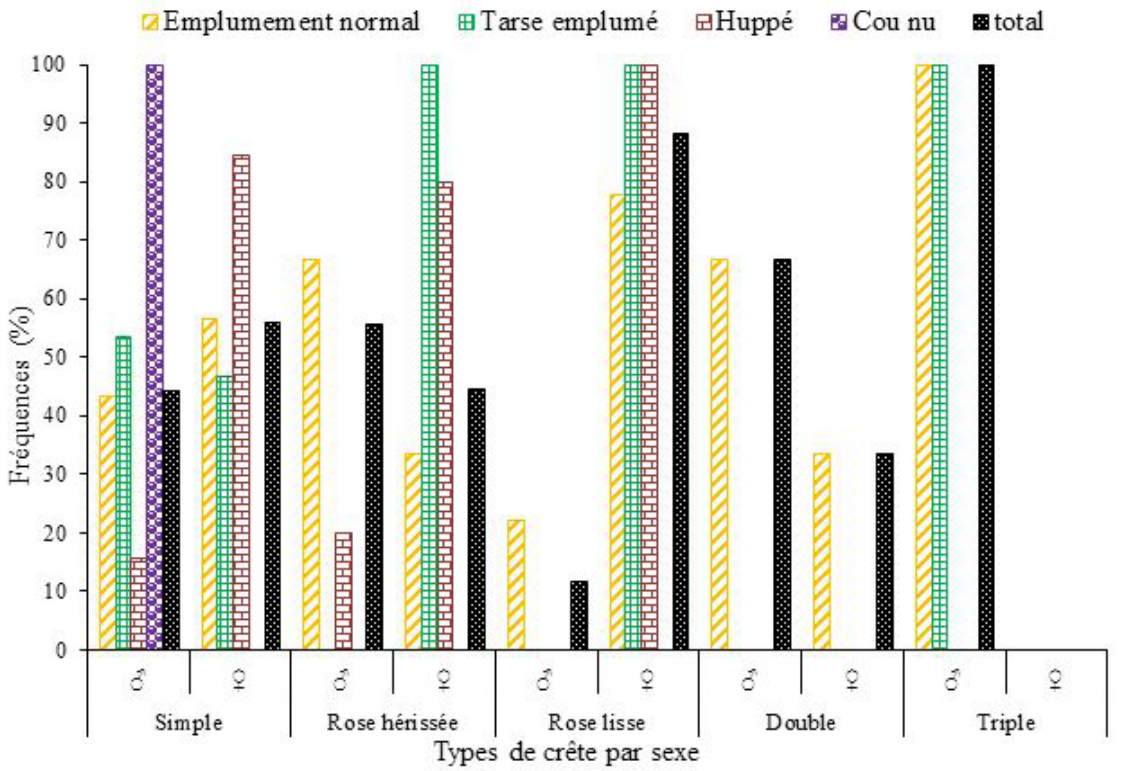


Figure 32 : Distribution des types de crêtes en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

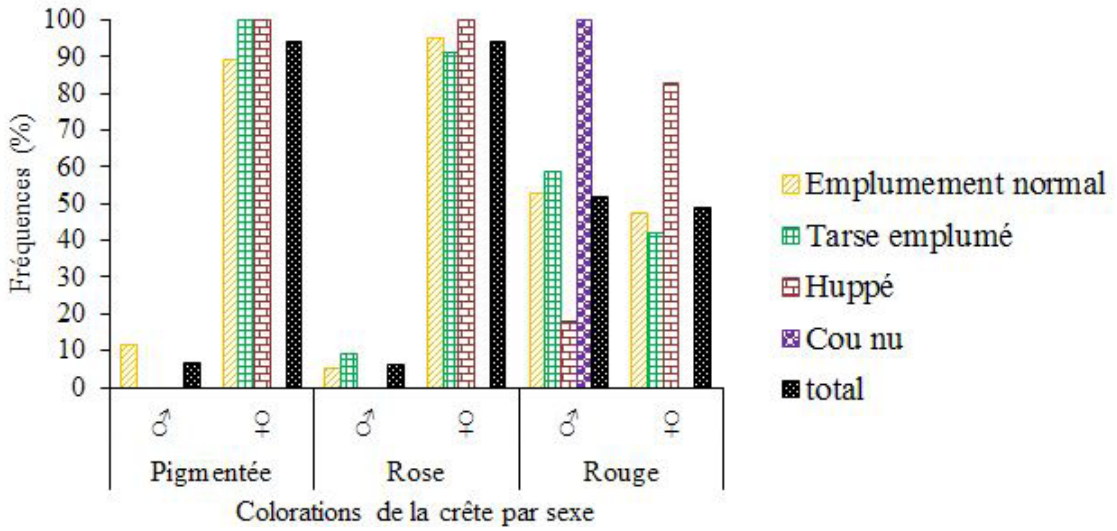


Figure 33 : Distribution des colorations des crêtes en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun



Figure 34: Principales types et colorations de crête chez la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

La figure 34 illustre les types et colorations de crête prédominant chez la poule des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun.

Les couleurs rose et pigmentée de la crête pourraient soit avoir réellement un déterminisme génétique, soit être respectivement liées à l'anémie ou à une éventuelle infection et/ou une hypoxémie ou anoxémie entraînant une cyanose.

Colorations des barbillons

La figure 35 illustre la distribution des colorations du barbillon en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

Ainsi que le montre la figure 35, les proportions des couleurs des barbillons sont comparables à celles de la crête. La fréquence des barbillons de couleur rouge est presque équitablement répartie entre les mâles (52,0%) et les femelles (42,0%) indépendamment du type génétique, alors que les colorations pigmentée et rose ont des fréquences significativement plus élevées chez les femelles (93,3 et 94,7% respectivement). En effet, les crêtes et les barbillons qui sont des appendices ayant quasiment la même structure anatomique jouent essentiellement le même rôle physiologique qui est la thermorégulation.

La figure 36 illustre quelques colorations des barbillons de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun.

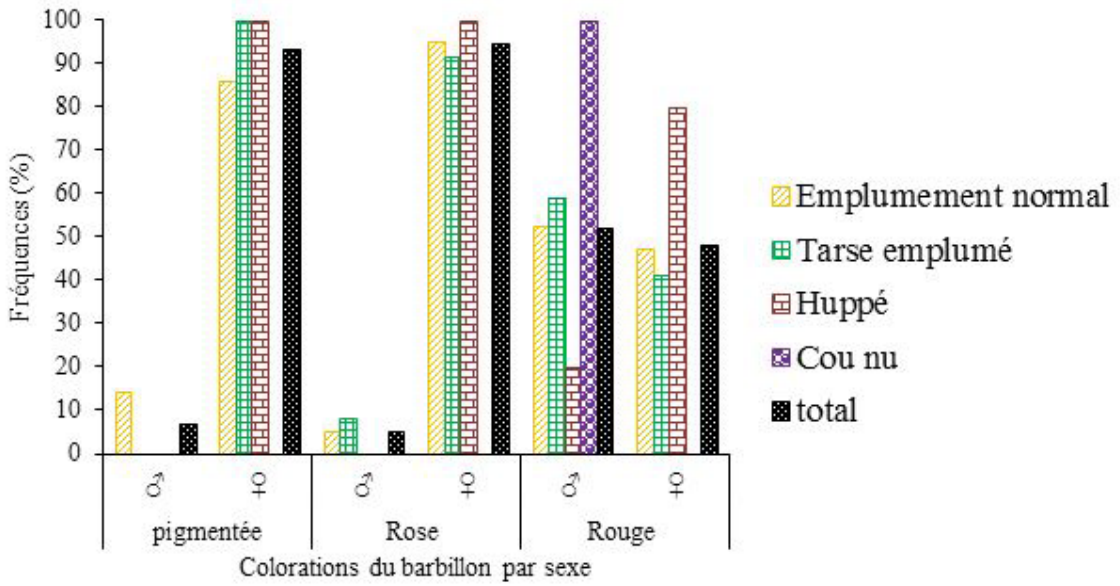


Figure 35: Distribution des colorations du barbillon en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun.



Figure 36: Coloration des barbillons

La coloration des barbillons suit très souvent celle des crêtes, les deux appendices ayant la même origine anatomique et la même fonction physiologique.

Formes et colorations des oreillons

La distribution de la forme des oreillons en fonction du sexe chez les types génétiques de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun est présentée à la figure 37.

La forme ovale des oreillons est présente chez 82,3% des poules locales indépendamment du type génétique et du sexe. Les oreillons ovales sont légèrement plus fréquents chez les coqs (53,7%) que chez les femelles (46,3%). Par contre, la minorité de 17,7 % de poules à oreillons de forme ronde est constituée à 89,3% de femelles. Toutes les poules du type génétique à cou nu ont les oreillons ovales.

La distribution des colorations des oreillons en fonction du sexe des principaux types génétiques de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun est présentée par la figure 38.

Indépendamment du sexe et du type génétique, les couleurs des oreillons les plus représentées sont le rouge (39,7%) et le blanc (35,7%). La coloration rouge des oreillons prédomine en général chez les coqs, bien que l'inverse soit rencontré chez le type génétique huppé (31,2 et 68,8% respectivement chez les poules et les coqs). La coloration blanche des oreillons est généralement trois fois plus élevée chez les femelles (72,9%) que chez les mâles (27,1%), Les autres couleurs sont dans l'ordre croissant pigmentée, jaune, rose et blanc centré, avec des fréquences variant entre 2,60% et 14,18%.

La figure 39 illustre quelques formes et colorations des oreillons de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun.

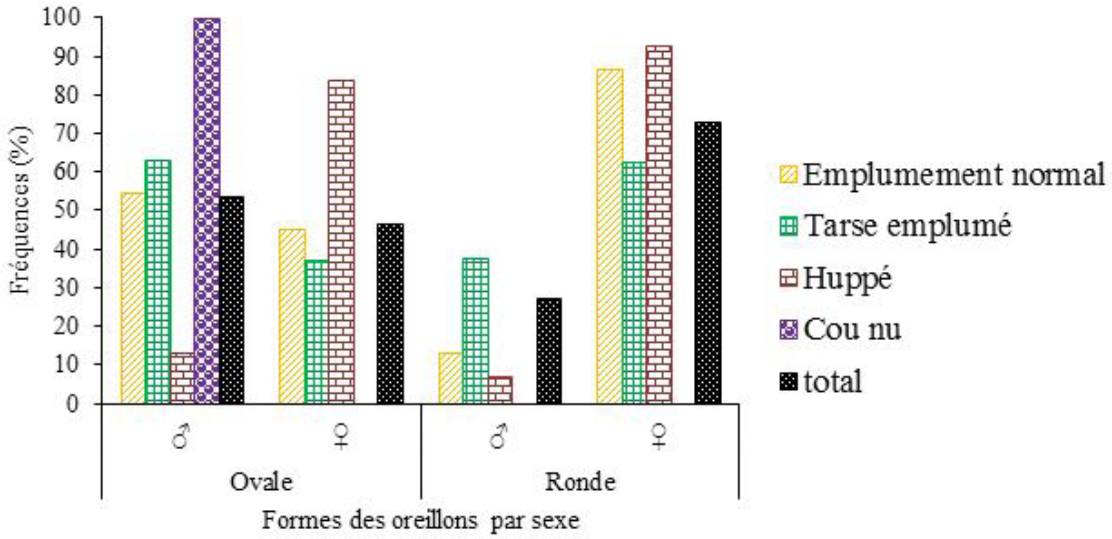


Figure 37: Distribution de la forme des oreillons en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

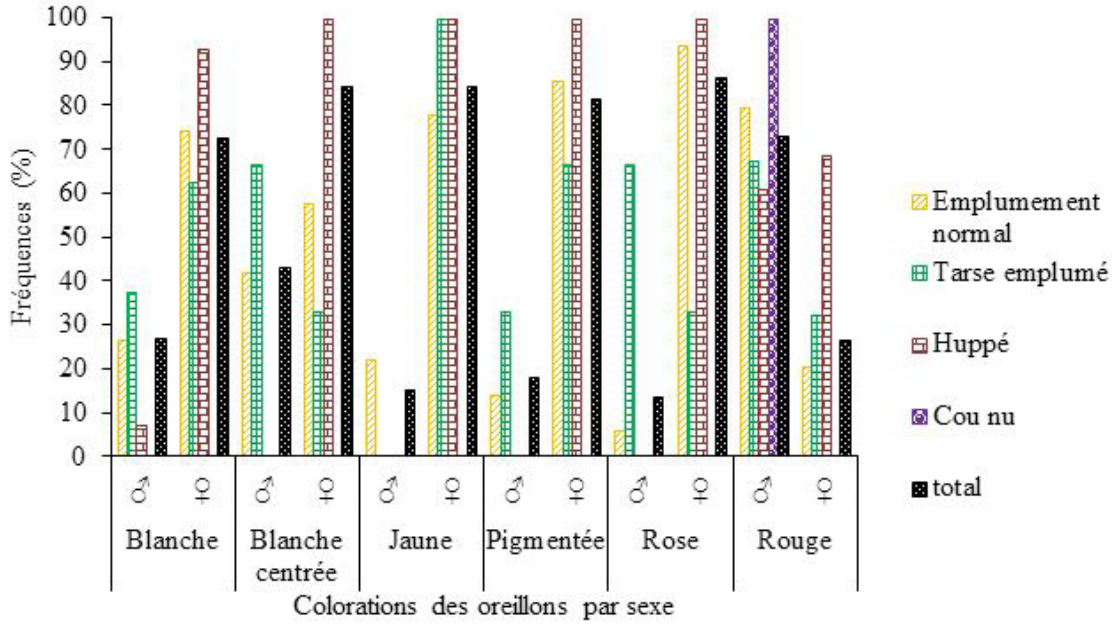


Figure 38: Distribution de la coloration des oreillons en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

La forme et la coloration des oreillons ont une origine génétique, et révèle également la diversité chez la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun.

Coloration des yeux

La distribution de la coloration des yeux en fonction du sexe chez les principaux types génétiques de poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun est présentée par la figure 40.

Indépendamment du sexe et du type génétique, 57,9% de poules locales des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun ont les yeux oranges répartis entre 51,4% de coqs et 48,6% de poules, contre environ 31% de cette



Ovale et blanc | Rond et blanc | Ovale et rouge | Rond et rouge

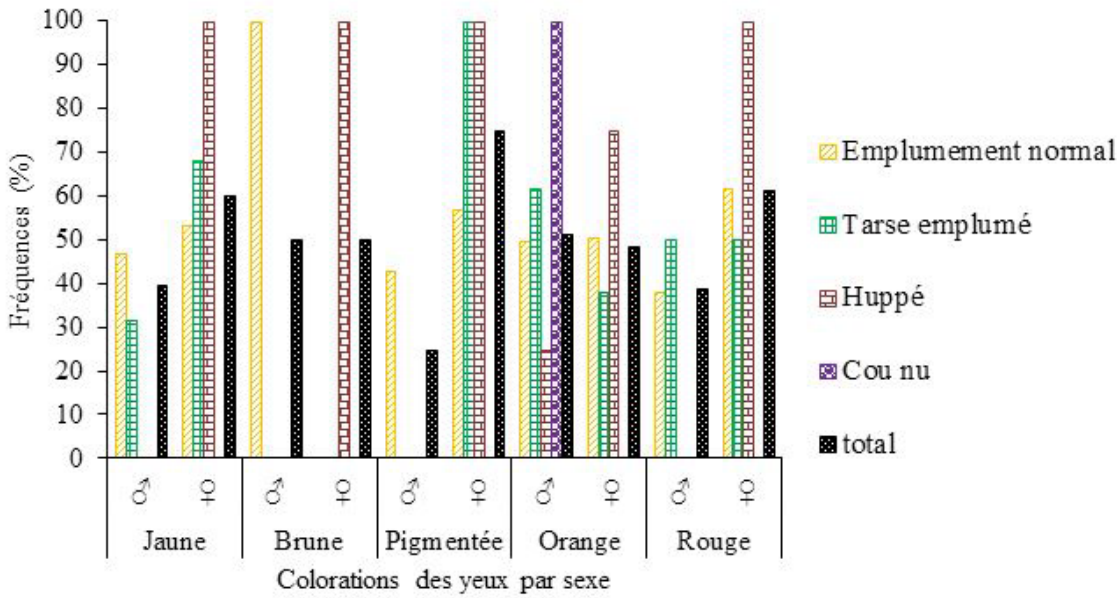


Figure 40: Distribution de la coloration des yeux en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

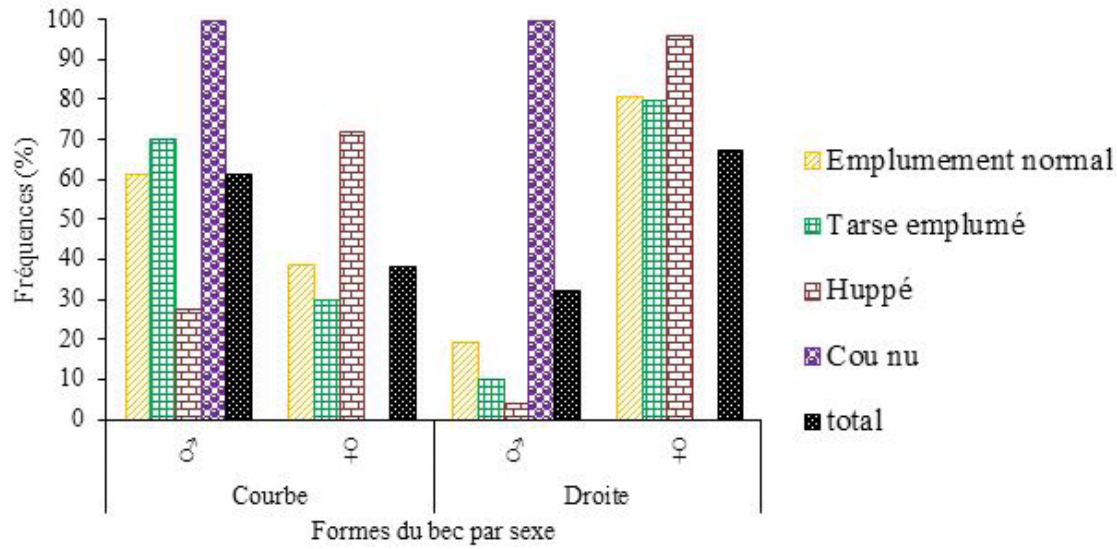


Figure 41: Distribution de la forme du bec en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

population qui ont les yeux jaunes. Le reste d'animaux présentant les yeux bruns, pigmentés ou rouges avec des fréquences variant entre 0,94% et 7,33%. Seule la coloration orange des yeux se rencontre dans tous les quatre types génétiques, et tous les animaux à cou nu ont les yeux oranges.

Forme et coloration du bec

La figure 41 présente la distribution de la forme du bec en fonction du sexe chez les principaux types génétiques de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun.

Quel que soit le sexe et le type génétique, 65,9% de poules locales des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun ont le bec courbe, contre seulement 34,1% de ces animaux qui ont le bec droit. Le bec de forme courbe est fortement représenté chez les coqs (61,6%) alors que les becs droits sont presque exclusivement rencontrés chez les femelles (84,0%). La forme du bec serait une adaptation au régime alimentaire. Le bec courbe, qui est généralement de plus grande longueur se rencontre majoritairement chez les coqs quel que soit le type génétique (61,6%), contrairement au bec droit plus court et plus prévalent chez les femelles (84,0%).

Cinq principales colorations du bec ont été répertoriées chez la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun ainsi que le montre la figure 42.

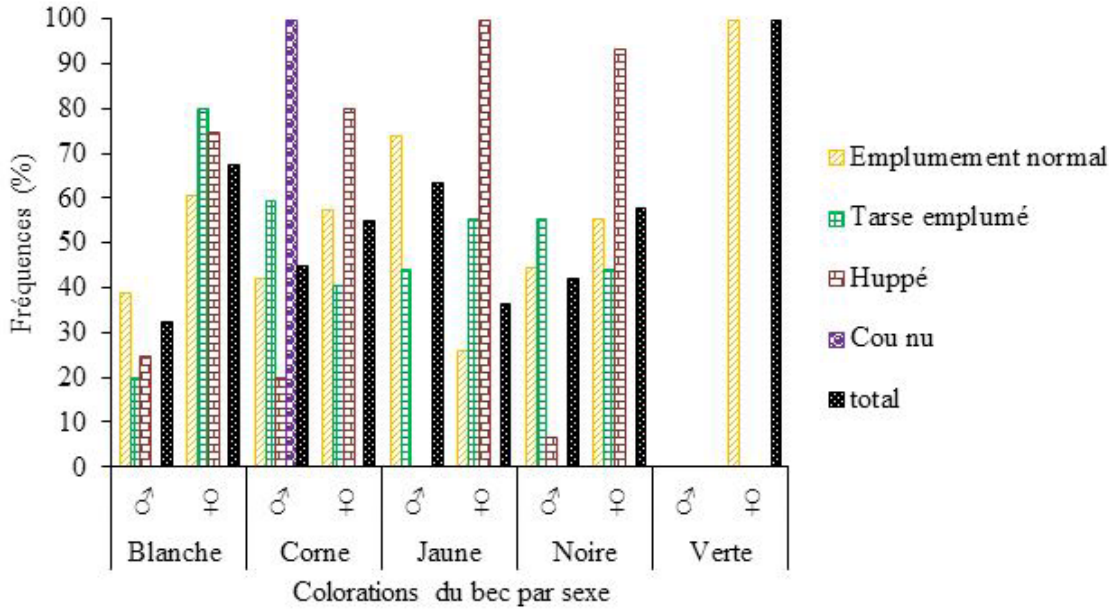


Figure 42: Distribution de la coloration du bec en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

Indépendamment, du type génétique, la couleur corne est la plus représentée (48,7%) et se retrouve dans tous les types de poules. Les autres colorations du bec sont dans l'ordre de fréquences décroissantes noire (25,3%), jaune (16,8%), blanche (8,7%) et verte (0,5%), cette dernière couleur n'ayant été rencontrée que chez les poules à emplumement normal. Si les couleurs blanche (67,6%), corne (54,8%) et noire (57,9%) prédominent chez les femelles, la couleur jaune du bec se rencontre beaucoup plus chez les mâles (63,4%).

La figure 43 illustre quelques colorations du bec de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

La forme et la coloration du bec sont déterminées par les gènes « sm » et mutations « Id » respectivement, les mutations « id » étant liées au sexe.



Jaune Noire Corne Blanc

Figure 43: Colorations du bec

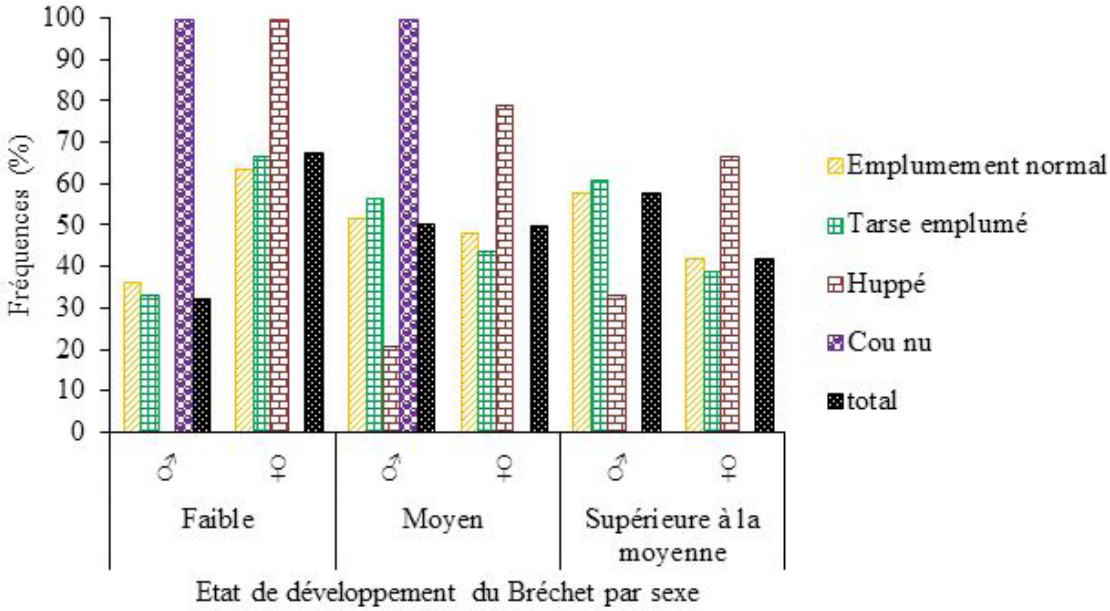


Figure 44: Distribution de l'état de développement du bréchet en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

Etat de développement du bréchet

La distribution de l'état de développement du bréchet en fonction du sexe chez les différents types génétiques de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun est présentée à la figure 44.

L'état de développement du bréchet est variable. Abstraction faite du sexe et du type génétique, 55,1% des animaux ont un bréchet moyennement développé. Cette partie du corps connait un faible développement chez 29,8% de la population contre seulement 15,1% d'individus chez qui ce développement est considéré comme supérieur à la moyenne. Cet état de développement varie également entre et à l'intérieur des types génétiques et des sexes. On constate que le pourcentage d'individus à bréchet faiblement développé est plus du double chez les femelles (67,5%) par rapport aux mâles (32,5%), alors que la prévalence d'animaux à bréchet considéré comme étant supérieure à la moyenne est de 37% supérieure chez les mâles (57,8%) par rapport aux femelles (42,2%). Ceci donne l'occasion de penser qu'une sélection sur la base du développement du bréchet serait beaucoup plus rapide chez les coqs que chez les poules.

Etat de la pente dorsale

La figure 45 résume la distribution de l'état de la pente dorsale en fonction du sexe chez les

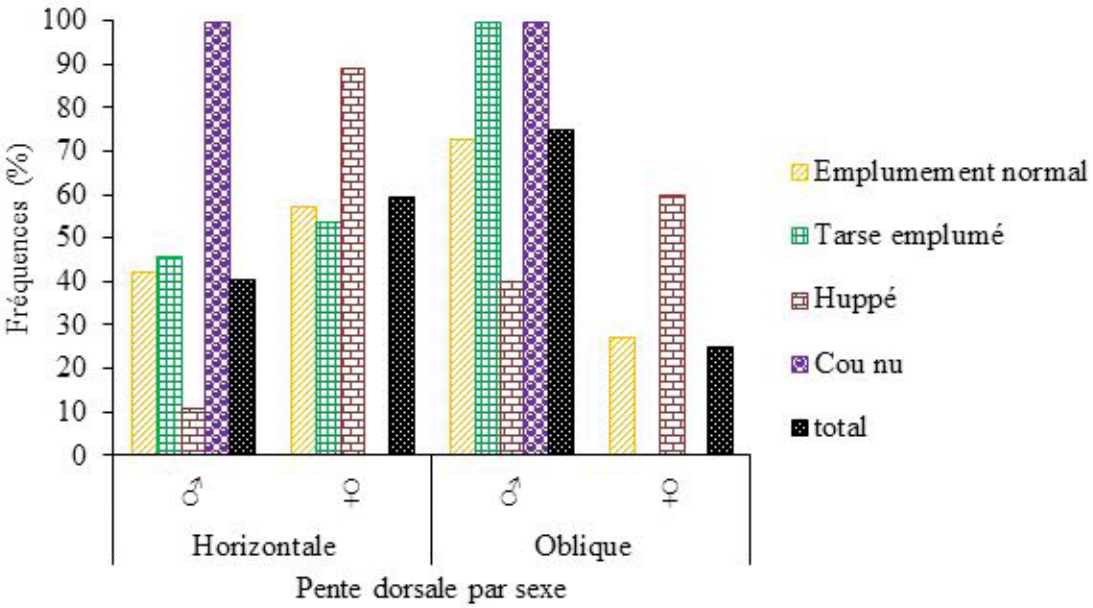


Figure 45: Distribution de l'état de la pente dorsale en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

différents types génétiques de poules locales des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun. L'état de la pente dorsale permet de mieux décrire la conformation et la stature d'un type génétique.

Indépendamment du type génétique et du sexe, 83,9% des animaux ont le dos horizontal, contre seulement 16,1% de poules ayant une ligne dorsale oblique. Par ailleurs la proportion de poules à dos oblique est trois fois plus élevée chez les mâles (75,0%) que chez les femelles (25,0%). Au sein de chaque type génétique, nous pouvons constater que les femelles ont majoritairement une pente dorsale horizontale, soit 57,5 ; 54,0 et 89,2% respectivement chez les types génétiques à emplumement normal, tarse emplumé et huppé.

Coloration de la peau

La distribution de la coloration de la peau en fonction du sexe et du génotype de poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun est présentée à la figure 46.

La peau de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun est de couleur blanche, jaune, pigmentée ou rose. Indépendamment du type génétique et du sexe, les peaux de couleurs blanche (40,9%) et jaune (37,3%) sont les plus représentées, suivies des peaux de couleur rose (21,5%), alors que la peau pigmentée n'a été observée que chez moins de 1% de la population. Les proportions des différentes colorations de la peau ne varient pas beaucoup entre les sexes, exception faite de la coloration rose de la peau qui est plus fréquente chez les femelles (61,5%) comparée aux mâles (38,5%) indépendamment du type génétique. Cependant, à l'intérieur des différents types génétiques, nous pouvons remarquer que la couleur blanche de la peau prédomine chez les femelles (50,9 ; 53,8 et 84,2% respectivement chez les poules à emplumement normale, à tarse emplumé et huppées), la couleur rose de la peau est plus fréquente chez les coqs (60,0 ; 60,0 et 72,7% respectivement chez les poules à emplumement normal, à tarse emplumé et les poules huppées), alors que 0,9% de la coloration pigmentée de la peau a été uniquement rencontrée chez les animaux à emplumement normal et distribuée à part égale entre mâles et femelles de ce type génétique.

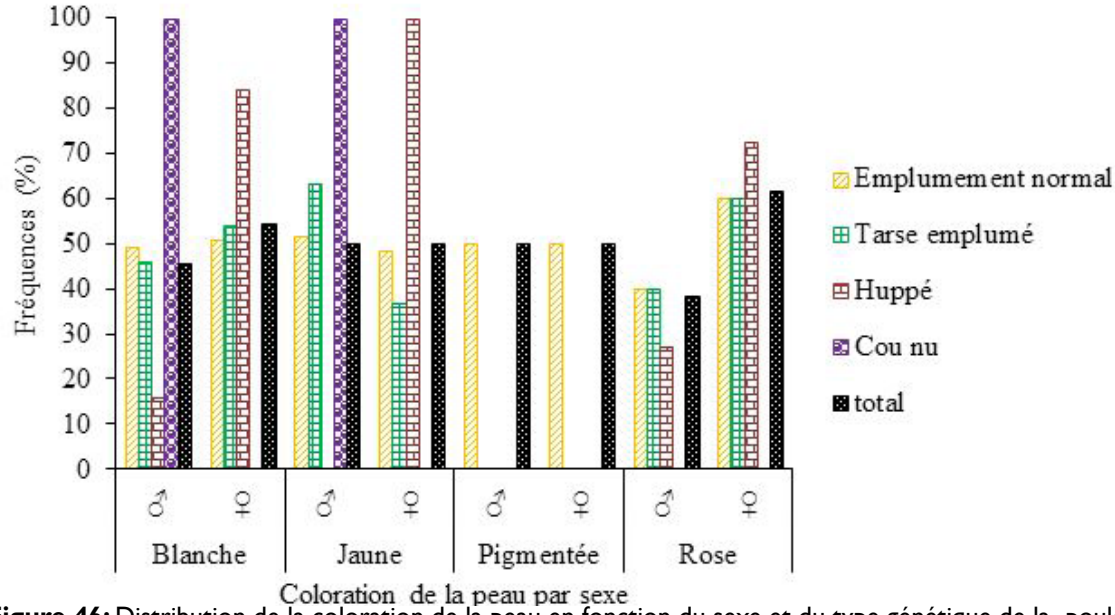


Figure 46: Distribution de la coloration de la peau en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

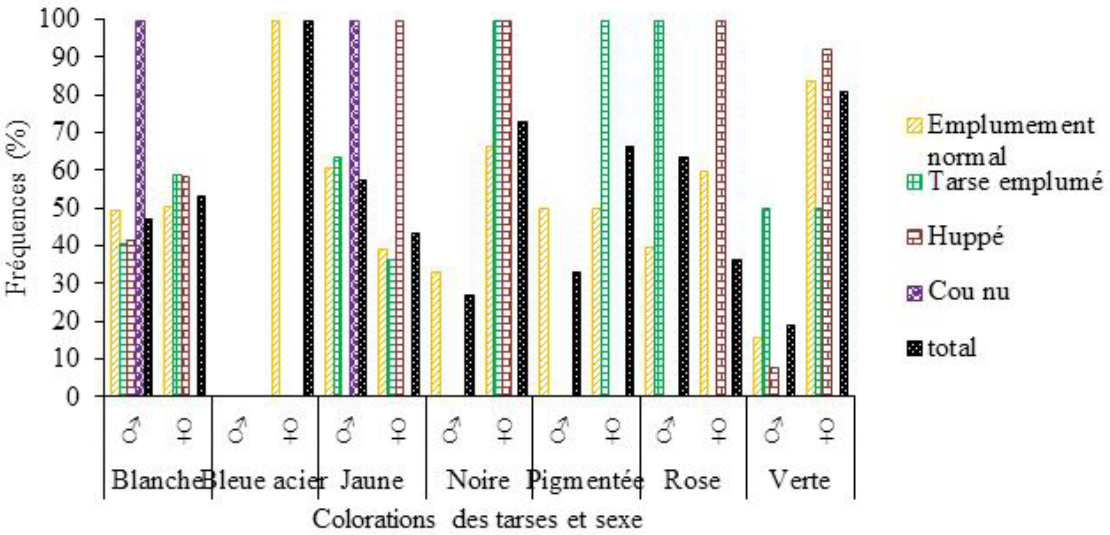


Figure 47: Distribution de la coloration des tarses en fonction du sexe et du type génétique de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

Coloration des tarses

Ainsi que présentées par la figure 47, les mêmes colorations de la peau se retrouvent aussi au niveau des tarses, qui peuvent en plus être bleues aciers, noires ou vertes.

Indépendamment du type génétique et du sexe, les tarses sont beaucoup plus de couleur blanche (39,0%) et jaune (37,8%). Les couleurs blanche (53,3%), noire (75,8%) pigmentée (66,7%) et verte (80,8%) des tarses sont majoritaires chez les femelles, alors que les couleurs des tarses jaune (57,5%) et rose (63,6%) prédominent chez des coqs indépendamment du type génétique.



Figure 48: Colorations des tarses

La figure 48 illustre les colorations des tarses de la poule locale de l'Ouest Cameroun.

La coloration des tarses est un caractère héréditaire gouverné par des couples de gènes majeurs à l'instar de W, Y, E ou des mutations autosomales du genre « FM ». Cependant l'expressivité ou la pénétrance de ces gènes peuvent être influencées par certains gênes liés au sexe comme les mutations barrure ou argenté, par « ID » qui est inhibiteur du pigment noir dans le derme (Coquerelle, 2000) ou par l'alimentation, le sexe, l'âge ou la race (Collins *et al.,* 1955).

Poids vif et mensurations corporelles

Le poids vif et les mensurations corporelles en fonction du type génétique et du sexe de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun sont résumés dans le tableau 11.

L'analyse de la variance a révélé une influence du génotype ($p<0,05$) et du sexe ($p<0,01$) sur le poids vif et les mensurations corporelles, exception faite de la longueur du bec (non influencée par le type génétique ni par le sexe) et de la longueur de l'aile (non influencée par le type génétique). Par contre l'interaction de ces deux facteurs n'a été significative sur aucun des paramètres considérés.

Indépendamment du sexe, le type génétique à tarse emplumé présente le poids vif le plus élevé, comparable à celui des poules à cou nu et à emplumement normal. La poule huppée a le poids vifs le plus faible ($p<0,05$). Quel que soit le type génétique, les mâles sont significativement ($p<0,01$) plus lourds que les femelles. Par ailleurs, le coefficient de variation des poids vifs est plus élevé chez le type génétique à emplumement normal (24,4%) et plus faible chez le cou nu (17,8%). Ce coefficient ne varie pas considérablement entre les sexes, exception faite du type huppé chez qui le poids mâle est plus homogène (3,6 %) que celui des femelles (18,0%). La hauteur et la longueur de la crête sont significativement plus élevées ($p<0,01$) chez les mâles que chez les femelles indépendamment du type génétique, alors que l'inverse est observée pour les coefficients de variation. Les animaux porteurs de la huppe, mâles et femelles présentent les plus petites mensurations de la crête, alors que les plus grandes ($p<0,05$) sont celles des cous nus dont les coefficients de variation sont par ailleurs les plus faibles. Il en est de même de la longueur des barbillons significativement plus élevé ($p<0,05$) et à coefficient de variation plus faible chez les cous nus. La longueur du bec et des ailes ne varient pas significativement en fonction du type génétique, contrairement au reste des mensurations.

Tableau 11 : Poids vif et mensurations corporelles de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun en fonction du type génétique et du sexe

Génotype	Sexe	Poids vif (g)		Hauteur de la crête (mm)		Longueur de la crête (mm)		Longueur du barbillon (mm)		Longueur du bec (mm)		Longueur du corps (cm)	
		Moy. ± et	CV	Moy. ± et	CV	Moy. ± et	CV	Moy. ± et	CV	Moy. ± et	CV	Moy. ± et	CV
Signification	G	*		*		*		*		*		*	
	S	**		**		**		**		**		**	
	GXS	NS		NS		NS		NS		NS		NS	
Emplumement normal	Male	1664,7 ±338,7^{a}	20,3	31,5±13,0^{a}	41,4	68,6±17,4^{a}	25,3	34,1±11,7^{a}	34,2	34,5±3,0^{a}	8,8	41,3±2,4^{a}	5,9
	Female	1268,5±249,3^{b}	19,7	11,9±7,9^{b}	67,2	32,2±12,6^{b}	39,2	8,84±6,1^{b}	69,5	31,6±2,7^{a}	8,6	36,3±2,6^{b}	7,2
	Male and Female	1452,7±354,1^{A}	24,4	20,9±14,4^{B}	68,8	49,1±23,6^{B}	48,0	20,6±15,6^{B}	75,6	33,0±3,2^{A}	9,7	38,6±3,5 ^{AB}	9,2
Tarse emplumé	Male	1754,9±273,0^{a}	15,6	33,6±12,9^{a}	38,6	67,5±21,5^{a}	31,9	33,02±12,6^{a}	38,2	35,8±3,0^{a}	8,5	42,3±2,5^{a}	5,9
	Female	1318,1±232,5^{b}	17,6	11,6±5,8^{b}	50,3	33,8±12,0^{b}	35,6	9,1±5,4^{b}	59,4	32,4±2,4^{a}	7,5	37,5±2,8^{b}	7,5
	Male and Female	1534,1±334,2^{A}	21,8	22,5±14,8^{B}	66,1	50,5±24,2^{B}	47,9	20,9±15,4^{B}	73,7	34,1±3,2^{B}	9,5	39,9±3,6 ^{A}	9,0
Huppé	Male	1583,3±57,7^{a}	3,6	32,9±10,3^{a}	31,3	66,5±4,1^{a}	6,2	28,6±8,8^{a}	30,8	33,9±2,0^{a}	5,9	43,3±1,1^{a}	2,7
	Female	1236,9±223,2^{b}	18,0	9,8±5,9^{b}	60,2	29,4±14,5^{b}	49,3	7,1±2,1^{b}	30,1	30,9±2,1^{a}	6,9	36,1±2,5^{b}	6,9
	Male and Female	1259,0±232,45^{B}	18,5	11,3±8,3^{C}	74,0	31,8±16,8^{C}	52,8	8,5±6,0^{C}	70,2	31,0±2,2^{A}	7,2	36,6±3,0^{B}	8,2
Cou-nu	Male	1528,6±251,4^{a}	16,4	33,5±11,1^{a}	33,2	64,5±19,8^{a}	30,7	32,5±14,5^{a}	44,6	32,8±3,6^{a}	11,0	39,1±1,7^{a}	4,5
	Female	1175,0±0,0^{b}	0,0	19,6±0,0^{b}	0,0	33,1±0,0^{b}	0,0	9,3±0,0^{b}	0,0	28,8±0,0^{b}	0,0	37,0±0,0^{a}	0,0
	Male and Female	1484,4±264,2^{A}	17,8	31,7±11,4^{A}	35,9	60,6±21,4^{A}	35,4	29,6±15,7^{A}	53,1	32,3±3,6^{A}	11,2	38,9±1,8 ^{AB}	4,6

a, b les valeurs affectées de la même lettre sur la même colonne ne sont pas significativement différentes (P ≥ 0,01) ; Moy.= moyenne, et= écart type, CV = coefficient de variation
*A, B, C les valeurs affectées de la même lettre sur la même colonne ne sont pas significativement différentes (P ≥ 0,05) ; ** = P<0,01 ; *= P < 0,05 ; NS= non significatif, G=type génétique, S= sexe, GXS= interaction entre le type génétique et le sexe.*

Tableau 11 (suite): Poids vif et mensurations corporelles de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun en fonction du type génétique et du sexe

Génotype	Sexe	Longueur de l'aile (cm)		Périmètre thoracique (cm)		Développement du pilon (mm)		Longueur du tarse (mm)		Diamètre du tarse (mm)	
		Moy. ± et	CV	Moy. ± et	CV	Moy. ± et	CV	Moy. ± et	CV	Moy. ± et	CV
Signification	G	*		*		*		*		*	
	S	**		**		**		**		**	
	GXS	NS		NS		NS		NS		NS	
Emplumement normal	Male	15,81±1,8[a]	11,7	40,7±2,8 a	6,8	29,9±5,2 [a]	17,4	76,8±7,9 [a]	10,3	15,3±1,9 [a]	12,2
	Female	14,4±1,3[a]	8,8	37,5±2,5 [b]	6,6	24,2±3,9[b]	16,2	62,8±8,0 [b]	12,7	12,4±1,7 [b]	13,7
	Male and Female	15,0±1,7[A]	11,4	39,0±3,1 [A B]	7,9	26,9±5,4 [AB]	20,0	69,3±10,6 [B]	15,2	13,81±2,2 [A B]	16,3
Tarse emplumé	Male	16,3±1,6[a]	9,8	41,8±2,4[a]	5,8	31,1±4,5[a]	14,6	79,4±7,3[a]	9,2	16,1±1,5 [a]	9,5
	Female	14,7±1,8[b]	8,0	38,6±2,0[b]	5,2	25,6±4,4[b]	17,2	64,2±5,4[b]	8,5	13,2±1,7 [b]	13,0
	Male and Female	15,5±1,6 [A]	10,4	40,2±2,7 [A]	6,8	28,3±5,2 [A]	18,5	71,7±10,0 [B]	13,9	14,6±2,2 [A B]	14,9
Huppé	Male	17,7±0,8[a]	4,3	39,7±1,4[a]	3,6	28,8±1,1 [a]	3,7	77,8±5,5 [a]	7,1	15,0±0,6 [a]	4,1
	Female	14,4±1,0[b]	7,1	37,5±2,1[a]	5,7	24,2±4,6 [b]	18,9	63,0±7,6 [b]	12,1	12,5±1,3 [b]	10,6
	Male and Female	14,6±1,3 [A]	8,8	37,7±2,1[B]	5,7	24,5±4,5 [B]	18,7	64,0±8,3[C]	13,0	12,7±1,4 [B]	11,3
Cou-nu	Male	15,1±0,9 [a]	5,9	39,8±1,6 [a]	4,0	26,7±4,7 [a]	17,6	76,4±7,1 [a]	9,3	15,2±2,0 [a]	13,0
	Female	13,5±0,0 [b]	0,0	37,5±0,0 [b]	0,0	20,0±0,0 [b]	0,0	67,5±0,0 [b]	0,0	11,5±0,0 [b]	0,0
	Male and Female	14,9±1,0 [A]	6,8	39,5±1,7 [A B]	4,3	25,8±5,0[A B]	19,2	75,3±7,3 [A]	9,7	14,8±2,3 [AB]	15,4

a, b les valeurs affectées de la même lettre sur la même colonne ne sont pas significativement différentes (P≥0,01) ; Moy.= moyenne, et = écart type, CV = coefficient de variation

*A, B, C les valeurs affectées de la même lettre sur la même colonne ne sont pas significativement différentes (P≥0,05) ; ** = P<0,01 ; * = P<0,05 ; NS= non significatif, G = type génétique, S = sexe, GXS = interaction entre le type génétique et le sexe.*

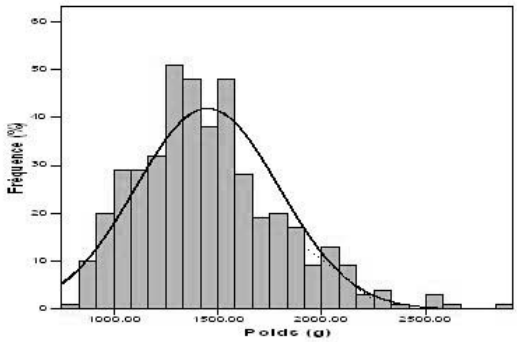


Figure 49 : Distribution du poids vif chez la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

Distribution des poids vif au sein de la population

La distribution des poids vifs adultes chez la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun est illustrée par la figure 49.

Il ressort de la figure 49 que la courbe est asymétrique vers la gauche, avec un mode se situant autour de 1500 g. Cependant, il existe des individus (moins de 2% de la population) dont le poids vif adulte avoisine 3000 g. Cette distribution des poids vifs pourrait être liée à un problème d'échantillonnage, mais pourrait aussi supposer l'existence d'un phénomène de sélection négative ; c.-à-d. contre le poids vif adulte au sein de cette population, et également la possibilité de refaire une sélection dans le sens de l'amélioration des performances pondérales de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun. Le phénomène de sélection négative est particulièrement illustré par les figures 50 et 51 présentant respectivement les distributions des poids adultes mâles et femelles du type génétique à emplumement normal dont les populations ne respecteraient plus exactement la loi normale de la distribution gaussienne.

Le décalage vers la gauche du mode de la distribution gaussienne des poids chez la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun serait dû à une migration des gènes engendrée par de fréquents prélèvements des animaux les plus lourds pour la consommation.

Le phénomène de prélèvement des animaux les plus lourds ne semble pas s'opérer avec acuité au sein des poules locales à tarse emplumé et huppées (figure 52, 53, 54 et 55).

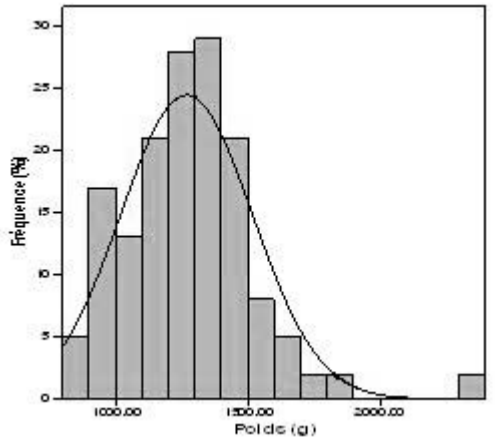


Figure 50: Distribution du poids vif des coqs à emplumement normal

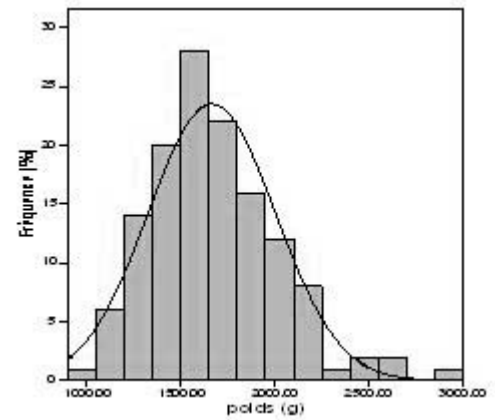


Figure 51: Distribution du poids vif des poules à emplumement normal

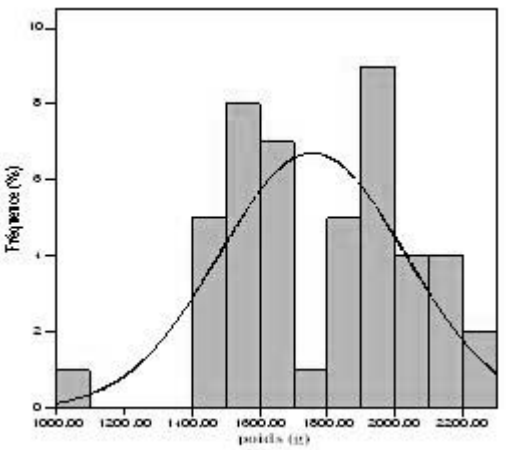


Figure 52: Distribution du poids vif des coqs à tarse emplumé

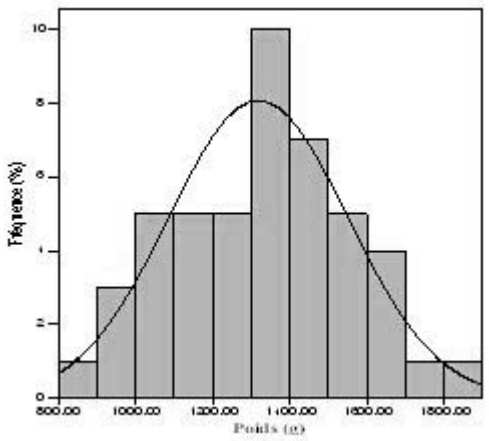


Figure 53: Distribution du poids vif des poules à tarse emplumé

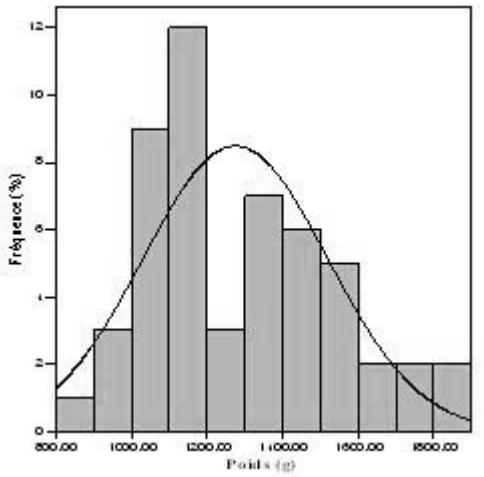


Figure 55: Distribution du poids vif des poules huppées

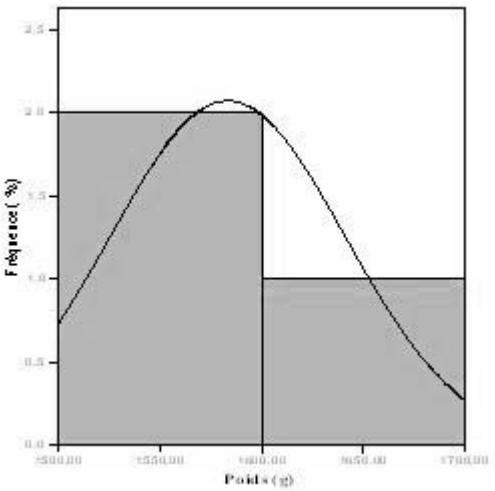


Figure 54: Distribution du poids vif des coqs huppés

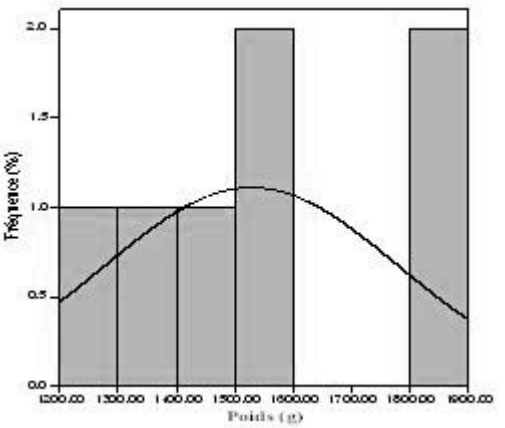


Figure 56: Distribution du poids vif des coqs cou nus

Bien que la courbe de distribution des femelles à tarse emplumé soit symétrique, celle des coqs du même type génétique est légèrement asymétrique vers la droite, suggérant une sélection positive en faveur des mâles les plus lourds. De tous les types génétiques considérés, le dimorphisme sexuel sur la base du poids vif est en faveur des coqs, et beaucoup plus prononcé chez la poule locale à tarses emplumés. Chez les mâles du type génétique cou nu, le poids vif varie de 1200 à 1900 g.

Corrélation entre le poids vif et les mensurations corporelles

Les coefficients de corrélation entre le poids vif et les mensurations corporelles du type génétique à emplumement normal de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun sont respectivement présentés aux tableaux 12 et 13.

En relation avec le poids vif des coqs du type génétique à emplumement normal, seule la longueur des tarses n'a pas présenté une corrélation significative. De plus, cette dernière

Tableau 12: Matrice de corrélations entre le poids vif et les mensurations corporelles chez le coq du type génétique à emplumement normal de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

	PV	HCr	LCr	LBa	L Be	LCo	LA	PT	DP	LT	DT
PV	1										
HCr	0,309**	1									
LCr	0,504**	0,727**	1								
LBa	0,576**	0,447**	0,748**	1							
L Be	0,502**	0,103	0,134	0,274**	1						
LCo	0,585**	0,026	0,204*	0,296**	0,484**	1					
LA	0,482**	0,149	0,326**	0,287**	0,069	0,372**	1				
PT	0,396**	0,124	0,098	0,173*	0,415**	0,479**	0,186*	1			
DP	0,536**	0,388**	0,366**	0,396**	0,308**	0,388**	0,317**	0,351**	1		
LT	-0,019	-0,161	-0,208*	-0,194*	-0,044	0,145	0,056	0,115	0,031	1	
DT	0,505**	0,175*	0,277**	0,383**	0,500**	0,490**	0,245**	0,287**	0,333**	0,071	1

** = $P < 0.01$, * = $P < 0.05$, *PV= Poids vif, HCr= Hauteur de la crête, LCr= Longueur de la crête, LBa= Longueur du barbillon, LBe= Longueur du bec, LCo= Longueur corporelle, LA= Longueur de l'aile, PT= Périmètre thoracique, DP= Développement du pilon, LT= Longueur du tarse, DT= Diamètre du tarse*

Tableau 13 : Matrice de corrélations entre le poids vif et les mensurations corporelles chez la poule du type génétique à emplumement normal de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

	PV	HCr	LCr	LBa	L Be	LCo	LA	PT	DP	LT	DT
PV	1										
HCr	0,248**	1									
LCr	0,227**	0,825**	1								
LBa	0,185*	0,569**	0,581**	1							
L Be	0,391**	0,157	0,221**	0,340**	1						
LCo	0,526**	0,119	0,120	0,167*	0,404**	1					
LA	0,339**	0,045	0,023	0,103	0,305**	0,367**	1				
PT	0,472**	0,184*	0,234**	0,150	0,255**	0,574**	0,379**	1			
DP	0,291**	0,041	0,086	0,258**	0,099	0,135	0,021	0,072	1		
LT	0,113	-0,015	0,023	0,079	0,155	0,311**	0,097	,337**	-0,052	1	
DT	0,360**	0,129	0,141	0,262**	0,537**	0,250**	0,198*	0,231**	0,184*	0,191*	1

** = $P < 0.01$, * = $P < 0.05$, *PV= Poids vif, HCr= Hauteur de la crête, LCr= Longueur de la crête, LBa= Longueur du barbillon, LBe= Longueur du bec, LCo= Longueur corporelle, LA= Longueur de l'aile, PT= Périmètre thoracique, DP= Développement du pilon, LT= Longueur du tarse, DT= Diamètre du tarse*

Tableau 14: Matrice de corrélations entre le poids vif et les mensurations corporelles chez le coq du type génétique tarse emplumé de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

	PV	HCr	LCr	LBa	L Be	LCo	LA	PT	DP	LT	DT
PV	1										
HCr	0,419**	1									
LCr	0,470**	0,923**	1								
LBa	0,574**	0,855**	0,885**	1							
L Be	0,142	-0,018	0,023	0,100	1						
LCo	0,694**	0,156	0,227	0,219	0,116	1					
LA	0,290	0,175	0,312*	0,439**	0,049	0,233	1				
PT	0,763**	0,394**	0,349*	0,478**	0,319*	0,504**	0,139	1			
DP	0,352*	0,325*	0,400**	0,358*	0,119	0,447**	0,283	0,354*	1		
LT	0,407**	0,016	0,080	0,117	0,323*	0,590**	0,335*	0,453**	0,160	1	
DT	0,439**	-0,014	0,108	0,075	0,374*	0,406**	-0,099	0,322*	0,143	0,240	1

*** = P < 0,01 ; * = P < 0,05 ; PV= Poids vif, HCr= Hauteur de la crête, LCr= Longueur de la crête, LBa= Longueur du barbillon, LBe= Longueur du bec, LCo= Longueur corporelle, LA= Longueur de l'aile, PT= Périmètre thoracique, DP= Développement du pilon, LT= Longueur du tarse, DT= Diamètre du tarse*

Tableau 15: Matrice de corrélations entre le poids vif et les mensurations corporelles chez la femelle du type génétique tarse emplumé de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

	PV	HCr	LCr	LBa	L Be	LCo	LA	PT	DP	LT	DT
PV	1										
HCr	-0,097	1									
LCr	-0,112	0,880**	1								
LBa	-0,272	0,825**	0,775**	1							
L Be	0,627**	0,091	0,020	-0,025	1						
LCo	0,525**	-0,218	-0,305*	-0,385**	0,647**	1					
LA	0,190	-0,256	-0,198	-0,183	0,291*	0,391**	1				
PT	0,593**	-0,208	-0,119	-0,086	0,538**	0,492**	0,317*	1			
DP	0,511**	0,149	0,117	0,227	0,477**	0,298*	0,177	0,501**	1		
LT	0,104	-0,337*	-0,224	-0,037	0,253	0,277	0,231	0,499**	0,297*	1	
DT	0,655**	-0,137	-0,179	-0,180	0,586**	0,459**	0,203	0,572**	0,545**	0,250	1

*** = P < 0,01 ; * = P < 0,05, PV= Poids vif, HCr= Hauteur de la crête, LCr= Longueur de la crête, LBa= Longueur du barbillon, LBe= Longueur du bec, LCo= Longueur corporelle, LA= Longueur de l'aile, PT= Périmètre thoracique, DP= Développement du pilon, LT= Longueur du tarse, DT= Diamètre du tarse*

Tableau 16: Matrice de corrélations entre le poids vif et les mensurations corporelles chez le coq du type génétique huppé de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

	PV	HCr	LCr	LBa	L Be	LCo	LA	PT	DP	LT	DT
PV	1										
HCr	0,541	1									
LCr	0,600	0,997*	1								
LBa	-0,450	0,508	0,445	1							
L Be	0,696	-0,227	-0,156	-0,954	1						
LCo	0,500	-0,458	-0,393	-0,998*	0,970	1					
LA	-0,756	-0,959	-0,977	-0,245	-0,057	0,189	1				
PT	0,500	-0,458	-0,393	-0,998*	0,970	1,00**	0,189	1			
DP	0,839	-0,003	0,069	-0,863	0,975	0,890	-0,279	0,890	1		
LT	0,575	-0,377	-0,310	-0,989	0,988	0,996	0,101	0,996	0,927	1	
DT	0,397	0,987	0,973	0,641	-0,382	-0,596	-0,901	-0,596	-0,165	-0,522	1

** = $P < 0,01$; * = $P < 0,05$, *PV= Poids vif, HCr= Hauteur de la crête, LCr= Longueur de la crête, LBa= Longueur du barbillon, LBe= Longueur du bec, LCo= Longueur corporelle, LA= Longueur de l'aile, PT= Périmètre thoracique, DP= Développement du pilon, LT= Longueur du tarse, DT= Diamètre du tarse*

Tableau 17 : Matrice de corrélations entre le poids vif et les mensurations corporelles chez la femelle du type génétique huppé de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

	PV	HCr	LCr	LBa	L Be	LCo	LA	PT	DP	LT	DT
PV	1										
HCr	0,549**	1									
LCr	0,378**	0,828**	1								
LBa	0,495**	0,824**	0,665**	1							
L Be	0,442**	0,165	0,045	0,153	1						
LCo	0,527**	0,434**	0,215	0,400**	0,456**	1					
LA	0,544**	0,242	0,154	0,309*	0,447**	0,532**	1				
PT	0,589**	0,400**	0,389**	0,381**	0,285*	0,445**	0,420**	1			
DP	0,479**	0,263	0,428**	0,310*	0,124	0,178	0,297*	0,357**	1		
LT	0,274*	0,475**	0,435**	0,461**	0,041	0,173	-0,021	0,224	0,124	1	
DT	0,499**	0,443**	0,471**	0,454**	0,533**	0,478**	0,379**	0,456**	0,521**	0,278*	1

** = $P < 0,01$; * = $P < 0,05$, *PV= Poids vif, HCr= Hauteur de la crête, LCr= Longueur de la crête, LBa= Longueur du barbillon, LBe= Longueur du bec, LCo= Longueur corporelle, LA= Longueur de l'aile, PT= Périmètre thoracique, DP= Développement du pilon, LT= Longueur du tarse, DT= Diamètre du tarse*

est négative. Par ailleurs, les corrélations significatives (p<0,01) les plus fortes avec le poids vif ont été celles de la longueur corporelle (r = 0,585) et des barbillons (r = 0,576). Chez les femelles du même type génétique (tableau 21), c'est également la longueur corporelle (r = 0,526) et le périmètre thoracique (r = 0,472) qui ont présenté les corrélations significatives les plus élevées avec le poids vif. Ici également, seule la corrélation entre la longueur du tarse et le poids vif n'est pas significative.

Les tableaux 14 et 15 présentent respectivement les matrices de corrélations entre le poids vif et les mensurations corporelles du type génétique à tarse emplumé.

Chez le coq du type génétique à tarse emplumé, le périmètre thoracique et la longueur corporelle présentent les corrélations significatives (p < 0,01) les plus fortes avec le poids vif, soit respectivement 0,763 et 0,694, alors que les longueurs de l'aile et du bec ne sont pas significativement corrélées au poids des coqs.

Les mensurations de la crête, ainsi que la longueur des barbillons présentent des corrélations négatives non significatives avec le poids vif des femelles à tarse emplumé. De plus, les corrélations entre le poids et la longueur de l'aile et du tarse, sans être négatives, sont très faibles et non significatives. Dans ce groupe de la population, les corrélations significatives (p < 0,01) les plus fortes avec le poids vif ont été respectivement celles du diamètre du tarse (r = 0,655) et de la longueur du bec (r = 0,627).

Les matrices de corrélations entre le poids vif et les mensurations corporelles du type génétique huppé sont présentées aux tableaux 16 et 17.

Chez le type génétique huppé de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun, malgré l'existence des corrélations parfois très fortes entre les mensurations corporelles et le poids vif des coqs, aucune d'elles n'a été significative. De plus, les corrélations entre la longueur de l'aile et du barbillon avec le poids vif ont été de fortement (r = -0,756) à modérément (r = -0,450) négatives sans être significatives. Par ailleurs, il faut relever l'existence d'une part d'une corrélation de r

Tableau 18: Matrice de corrélations entre le poids vif et les mensurations corporelles chez le coq du type génétique cou nu de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

	PV	HCr	LCr	LBa	L Be	LCo	LA	PT	DP	LT	DT
PV	I										
HCr	0,419	I									
LCr	0,292	0,981**	I								
LBa	0,742	0,792*	0,695	I							
L Be	0,236	-0,522	-0,484	-0,384	I						
LCo	0,937**	0,268	0,187	0,531	0,533	I					
LA	0,789*	0,051	-0,122	0,553	0,074	0,647	I				
PT	0,260	-0,117	-0,194	0,397	-0,141	0,098	0,567	I			
DP	0,435	0,820*	0,865*	0,708	-0,117	0,429	-0,040	0,029	I		
LT	-0,140	0,124	0,169	-0,381	0,166	0,001	-0,406	-0,912**	-0,085	I	
DT	0,240	-0,093	0,005	-0,096	0,815*	0,531	-0,153	-0,115	0,426	0,084	I

*** = P < 0,01 ; * = P < 0,05, PV= Poids vif, HCr= Hauteur de la crête, LCr= Longueur de la crête, LBa= Longueur du barbillon, LBe= Longueur du bec, LCo= Longueur corporelle, LA= Longueur de l'aile, PT= Périmètre thoracique, DP= Développement du pilon, LT= Longueur du tarse, DT= Diamètre du tarse*

=1 significative (p < 0,01) entre le périmètre thoracique et la longueur corporelle des coqs huppés, et d'autre part une corrélation significative (p < 0,01) très fortement négative (r = -0,998) entre la longueur du barbillon et le périmètre thoracique.

Chez les femelles huppées par contre, il existe plusieurs corrélations significatives (p < 0,01), variant de faible à moyenne entre le poids vif et les autres mensurations corporelles. Les corrélations significatives les plus fortes ont été obtenues entre le poids vif et le périmètre thoracique (r = 0,589), la hauteur de la crête (r = 0,549), la longueur de l'aile (r = 0,544) et la longueur corporelle.

Le tableau 18 présente la matrice de corrélations entre le poids vif et les mensurations corporelles du type génétique cou nu de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun.

Les seules corrélations significatives avec le poids vif des coqs à cou nu ont été celles de la longueur corporelle (r = 0,937 ; p < 0,01) et de la longueur de l'aile (0,789 ; p < 0,05) (tableau 18).

Régression des mensurations corporelles sur le poids vif

Le tableau 19 présente les meilleures équations de prédiction du poids vif des différents types génétiques de poule locale sur la base des mensurations corporelles ayant présenté les plus fortes corrélations significatives avec le poids vif. Les meilleures équations de régression ne sont pas tous du même type, ni basées sur les mêmes mensurations corporelles.

Chez le type génétique à emplumement normal, les équations sont du type exponentielle et utilisent la longueur du barbillon et du corps respectivement chez le mâle et la femelle, avec cependant des coefficients de détermination assez faible (R2 = 0,3519 et 0,2914 respectivement).

Chez le type génétique a tarse emplumé, le poids vif a été significativement plus corrélé au périmètre thoracique chez les coqs et au diamètre du tarse chez les femelles. La meilleure équation de régression chez les coqs à tarse emplumé a été de type polynomiale, donnant un coefficient de détermination au-

Tableau 19: Equations de régression des mensurations corporelles sur le poids vif de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun

Type génétique	Sexe	Mensuration de régression	Equation de régression	R^2
Emplumement normal	Male	Longueur du barbillon	$y = 1157{,}2e^{0{,}0101x}$	0,3519
	Female	Longueur corporelle	$y = 297{,}7e^{0{,}0394x}$	0,2914
Tarse emplumé	Male	Périmètre thoracique	$y = 297{,}7e^{0{,}0394x}$	0,6554
	Female	Longueur du bec	$y = 5{,}3639x^{1{,}579}$	0,4472
Huppé	Male	Développement du pilon	$y = 5{,}024x + 284{,}8$ $y = 702{,}4e^{0{,}0281x}$	0,7046
	Female	Périmètre thoracique	$y = 0{,}7237x^{2{,}0532}$	0,398
Cou nu	Male	/	/	/
	Female	/	/	/

dessus de la moyenne (R2 = 0,6554). Chez les femelles par contre, l'équation de régression est du type en puissance avec un coefficient de régression R2 = 0,4472, impliquant une plus grande homogénéité chez les mâles que chez les femelles. L'homogénéisation en faveur des mâles serait la conséquence d'une sélection couramment appliquée par les éleveurs en faveur de ce sexe, les plus gros coqs à tarse emplumé faisant l'objet d'un plus grand prestige, et donc conservés dans les élevages.

Les coqs huppés offrent deux types d'équation de régression du développement du pilon sur le poids vif, une linéaire et l'autre exponentielle, toutes deux ayant cependant le même coefficient de détermination (R2 = 0,7046). Chez les femelles du même type génétique, c'est le périmètre thoracique qui permet d'établir une régression en puissance avec cependant un R2 faible (0,3980). L'établissement des corrélations et des équations de régressions avec le type génétique à cou nu n'a pas été possible à cause de la taille réduite de cette sous population.

Les coefficients de détermination des différentes équations de régression des mensurations corporelles sur le poids vif varient en général de faible à moyen, signifiant ainsi qu'aucune sous population de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun n'est homogène, d'où la possibilité d'établissement d'un éventuel programme de sélection.

Ces faibles coefficients de détermination constituent par ailleurs des indicateurs de la primarité de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun.

Discussion

La distribution des couleurs de plumage chez la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun indiquerait probablement l'existence d'une variabilité génétique. Ces couleurs sont le fait de la présence des gènes à effets majeurs et à des interactions entre plusieurs d'entre eux (Périquet, 1997). Les multiples croisements non contrôlés depuis plusieurs décennies, entre animaux ayant différents coloris de plumage donnent naissance à d'autres combinaisons, probablement celles existant en faible proportion (Bessadok *et al.,* 2003; Akouango *et al.,* 2004). La prédominance des couleurs sombres, particulièrement rencontrées dans les zones rurales, fait croire qu'on pourrait retrouver la poule typiquement locale. Toutefois, les couleurs claires, notamment le plumage blanc et le barré ou coucou présentes à environ 20% dans la population totale, peuvent suggérer un niveau relativement élevé de dilution des gènes locaux à travers l'introduction des souches commerciales (Juárez *et al.,* 2000).

Dans divers pays tropicaux, il a été mentionné l'existence des variétés de poules locales présentant des types de plumage qui permettent leur meilleure adaptabilité à l'ambiance environnementale locale (Santoni *et al.,* 2000 ; Bahy, 2003). La distribution du plumage rencontrée chez la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun est probablement le fait de l'interaction génotype x environnement. Ainsi, l'emplumement normal complet largement représenté serait la conséquence de la relative homogénéité des conditions géoclimatiques dans les Hautes Terres de l'Ouest Cameroun, contrairement aux études menées dans des pays à grande diversité géographique (Ji *et al.,* 2005). Par ailleurs, la fréquence des phénotypes comme le cou nu et le frisé est la résultante des modifications anatomo-physiologiques, liées à des gènes, permettant aux animaux de mieux dissiper la chaleur (Al-Rawi et Al-Athari, 2002). La faible représentativité du gène cou nu (Na) et la quasi absence du gène frisé « F » pourrait être le fait des températures relativement faibles de la zone de l'étude, les mécanismes naturels n'ayant donc aucune raison de développer des types adaptatifs à la chaleur, contrairement à ce qui est observé dans les régions plus chaudes d'Afrique (Mérat, 1990). La rareté des phénotypes cou nu et l'absence du frisé pourraient être liées aux mœurs des populations locales qui, n'exploitant pas beaucoup ces phénotypes dans les rites et autres utilisations des ressources avicoles locales, y exercent une pression de sélection négative.

A l'inverse des types génétiques cou-nus, les types huppés et à tarses emplumés sont bien représentés. Selon les éleveurs ruraux, ces derniers sont souvent préférés pour leurs grandes performances de reproduction et de croissance respectivement. Toutefois, ces performances particulières ne sont pas encore toutes scientifiquement prouvées.

Comme dans la majorité des études menées à travers les tropiques (Missohou *et al.,* 1998 ; Juarez *et al.,* 2000 ; Fotsa et Poné, 2001) la crête simple est la plus fréquente, suivi des formes en rose. Il faut cependant remarquer que ces dernières formes sont plus représentées dans notre zone d'étude, en comparaison avec les fréquences obtenues par Fotsa et Poné (2001) dans la Province du Nord-Ouest Camerounais. Plusieurs travaux associent la crête en rose à une baisse de fertilité, principalement chez les mâles en état homozygote (RR), attribuable à une diminution de la viabilité spermatique en comparaison avec les autres types de crête.

La multiplicité des détails ornementaux, comme la couleur de la crête, des barbillons et des oreillons au sein de tous les types génétiques témoigne également de la variabilité des ressources génétiques de poules locales dans les Hautes Terres de l'Ouest Cameroun. Toutefois, les couleurs plus prononcées de ces détails ornementaux prédominent chez les mâles où ils jouent un important rôle lors de la parade nuptiale (Juárez *et al.,* 2000). Les colorations roses pâles ou blanches des appendices chez les femelles seraient plutôt liées aux phénomènes physiologiques durant le cycle de reproduction. Quant à la pigmentation noire également observée, elle serait en partie attribuable soit à une réelle variabilité génétique, soit à une pathologie comme le choléra (Ensminger, 1980).

Ainsi que rapporté par Missohou et al. (1998), les couleurs de la peau les plus rencontrées sont le blanc, le jaune et le rose. Il en est de même des pattes qui peuvent aussi être noires ou bleues aciers. La forte présence de la coloration jaune des pattes et de la peau pourrait également traduire le degré de pénétration des gènes exotiques dans la population de poules locales.

Pour ce qui est des mensurations corporelles, les valeurs significativement plus élevées chez les mâles sont en accord avec les résultats des travaux de Azón et Francesh (1998), Guèye et al. (1998), Mallia (1998), Ngou Ngoupayou (1990), Missohou et al. (1998), Msoffe et al. (2002). Ce dimorphisme en faveur du mâle suggère qu'un programme de sélection pour la production de viande serait plus avantageux avec ces derniers qu'avec les femelles, en particulier pour les caractères d'importance économique comme le poids, le développement du pilon et le diamètre du tarse qui par ailleurs présentent des coefficients de variation importants. Ces valeurs sont toutefois en majorité différentes des mensurations obtenues par Fotsa et Poné (2001) dans le Nord-Ouest Cameroun, inférieures à celles obtenues par Ouandaogo (1995, a, b, c) au Burkina Faso, mais supérieures à celles de Guèye et al. (1998) et Missohou et al. (1998) pour les races locales du Sénégal.

Le polymorphisme présenté par les différents types génétiques de poules des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun rejoint celui observé par Reyes-Leyva (1992) au Mexique et Ouandaogo (1995, a, b, c) au Burkina Faso. En effet, cette diversité justifie la préférence des éleveurs ruraux pour les types à tarse emplumé plus lourd, lorsqu'il s'agit de produire de la viande, et pour les types huppés plus légers pour la production d'œufs. Cette remarque suggère également que les performances de croissance des cous nus et des types normaux seraient intermédiaires entre celles des phénotypes précédemment cités. A l'opposé des cous nus et huppés qui subissent une sélection négative due au fait qu'ils ne sont pas utilisés dans les rites socioculturels et autres pratiques, les types à emplumement normal, surtout ceux de couleur noire, bénéficient d'une attention particulière auprès des populations villageoises. Cette attention serait un facteur favorisant l'augmentation des proportions des colorations noires ou sombres et du type génétique à tarse emplumé.

Des couples de paramètres ayant des corrélations génétiques significatives élevées

pourraient être utilisés en sélections, en supposant des relations génétiques similaires (Falconer, 1989). Ceci voudrait dire que les paramètres impliqués soient contrôlés par des gènes liés ou ceux présentant des effets pléiotropiques, d'autant plus que les causes génétiques et environnementales des corrélations se combinent pour donner des corrélations génétiques (Emsley *et al.,* 1977 ; Falconer, 1989). Dans ces conditions, la sélection d'un paramètre du couple entraînerait une amélioration raisonnable de l'autre paramètre.

Dans notre étude, des corrélations positives significatives ont été obtenues entre le poids vif et les mensurations corporelles des deux sexes chez les différents types génétiques de poules locales des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun. Ces résultats concordent avec ceux de Gueye et al. (1998) au Sénégal, Okpeku et al. (2003), Orheruata et al. (2004) et Mancha et al. (2008) au Nigeria. Une association positive significative entre le poids vif et ces paramètres est une indication que la mesure absolue de ces paramètres est une estimation fiable du poids vif chez la poule locale (Chambers, 1990; Mbap et Zakar, 2000; Saidu, 2002). L'interrelation entre les mensurations corporelles peut être utilisée pour évoluer rapidement en sélection (Monsi, 1992) et pour prédire les caractéristiques du poids (Chambers et Fortin, 1984).

Les équations de régression ont varié en fonction du type génétique, du sexe et de la mensuration corporelle à partir de laquelle s'effectue la régression. Tous les coefficients de détermination varient cependant de faible à moyen, indiquant une certaine primarité ou absence de sélection prononcée au sein de la population de poules locales des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun. Ces résultats sont conformes à ceux de Gueye et al. (1998) qui affirment par ailleurs que les techniques de régression multiple pourraient améliorer R2 de 25-50% chez les coqs et 5-379% chez les femelles. C'est effectivement le cas des résultats de Mancha et al. (2008) qui, en utilisant les régressions multiples, obtiennent R2=0,93, mais à partir des corrélations également très forte entre le poids vif et les mensurations corporelles des poules locales du Plateau Jos (Nigeria).

Conclusion

L'étude des caractères morphobiométriques des types génétiques de la poule locale des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun a révélé que ces derniers présentent une grande variabilité, tant dans leur phanéroptique que dans leurs caractéristiques biométriques. Il ressort donc de cette étude que les couleurs du plumage sombre, rouge et sauvage rappelant les ancêtres communs de la poule sont prédominantes, cependant la représentativité des poules à plumage blanc et barré, de tarses emplumés et de pattes jaunes fait penser à une importante influence des souches commerciales sur le pool génétique de poules locales des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun. On retrouve dans cette population, très peu de gènes ayant une grande capacité d'adaptation aux conditions climatiques de hautes températures comme le « Na » (cou-nu), le « F » (Frisé), alors que la fréquence de la crête en rose rencontrée pourrait traduire une relative sub-fertilité des coqs.

Le dimorphisme sexuel pour le développement du bréchet, tout comme pour tous les caractères quantitatifs considérés est en faveur des coqs quel que soit le type génétique. Les valeurs des mensurations de ces caractères quantitatifs chez les poules adultes en milieu réel varient avec le sexe et le type génétique, certaines de ces mensurations corporelles présentent des corrélations assez fortes avec le poids vif des différents types génétiques. La distribution Gaussienne du poids vif dans la population générale de poules locales des Hautes Terres de l'Ouest Cameroun insinue l'existence d'un phénomène de sélection négative sur la base du poids adulte. Cette pression de sélection semble s'exercer plus fortement sur le coq à emplumement normal. Les équations de prédictions du poids vif à partir des mensurations corporelles varient avec le type génétique, mais présentent des coefficients de détermination variant de faible à moyen.

Cette grande diversité peut servir de base à la mise en place des souches rustiques et plus performantes par le biais des croisements

et sélections. Une amélioration concomitante des conditions d'élevage devrait permettre d'accroître notablement la productivité de la poule locale pour en faire, particulièrement en milieu traditionnel, une source moins chère de protéines de qualité.

References

Akouango F, Mouangou F, Ganongo G, 2004. Phénotypes et performances d'élevage chez les populations locales de volailles du genre Gallus au Congo Brazzaville. Cahiers d'études et de recherches francophones/agricultures. Vol. 13, numéro3, http:www.john-libbey-eurotext.fr/fr/revuesagro_biotech/agro/e-docs/00/04/04/75/article.md.

Al-Rawi A A et Al-Athari A K, 2002. Characteristics of indigenous chickens in Iraq. Animal Genetic Resources Information, 32, 87-93.

Azón R and Francesh A, 1998. La gallina del Sobrarbe: Descripción y definición de una población de gallinas del pirineo de Huesca. Archivos de zootecnia, 47: 461-465.

Bahy Ahmed Ali, 2003. Detection of DNA alteration in abnormal phenotype of broiler chicken male by random amplified polymorphic DNA (RAPD), African Journal of Biotechnology Vol. 2 (6) 153–156.

Bessadok A, Khochlef I & El-Gazzah M, 2003. Etat des ressources génétiques de la population locale du poulet en Tunisie, Tropicultura, 21 (4), 167- 172.

Chambers J P and Fortin A, 1984. Live body and carcass measurements as predictors of chemical composition of carcass of male broiler chickens. Poult. Sci., 63:2187-2196.

Chambers J R, 1990. Genetics of growth and meat production in chickens (chapter 25). In: Poultry Breeding and Genetics (Crawford R D ed.) Elsevier, New York-Tokyo, pp. 1123.

Djoukam J et Téguia A, 1991. Typologie des élevages avicoles semi-intensifs dans la province de l'Ouest Cameroun. Tropicultura : 13(1) 22-24.

Emsley A, Dickerson G E and Kashyap T S, 1977. Genetic parameters in progeny-test selection for filed performance of strains-cross layers. Poult. Sci. 56:121-146.

Esminger ME. 1980. Poultry Science (Animal Agriculture Series) (2nd edn). The Interstate Printers and Publisher Inc.; 502p.

Falconer D S, 1989. Introduction to quantitative genetics, third edition, Longman Group Ltd., Hong Kong, 438p.

FAO (Food and Agriculture Organisation), 1998. Programme mondial de gestion des ressources génétiques d'élevage. Conservation de la diversité des animaux domestiques : Initiative pour la Diversité des Animaux Domestiques. Rome. 20p.

Fotsa J.C. et Pone K.D., 2001. Etude de quelques caractéristiques morphologiques des poulets locaux du Nord-Ouest Cameroun. Bul. RIDAF Vol.11 N°2, juillet-décembre 2001 pp 13-20.

Gueye E F, Ndiaye A and Branckaert R D S, 1998. Prediction of body weight on the basis of body measurement in mature indigenous chickens in Senegal. Livestock Research for rural development 10(3): http://www.cipav.org.co/lrrd/lrrd10/3/sene103.htm

Ji C L, Chen G H, Wang M Q, Weigend S, 2005. Genetic structure and diversity of 12 Chinese indigenous chicken breeds. Proceedings: the role of biotechnology, Villa Gualino, Turin, Italy 5-7 March 2005. pp 213-214.

Juarez C A, Manriquez A J A y Segura C J C, 2000. Rasgos de apparencia fenotipica en la aviculture rural de los municipos de la ribera del lago Patzcuaro, Michoacan, Mexico. Livestock research for rural development, 12(1). http://www.cipav.org.co/lrrd12/1/jua121.htm

Mallia J G, 1998. The black Maltese: a Mediterranean, light breed of poultry. Animal Genetic Resources Information, 24, 41-48.

Mancha Y P, Mbap S T a nd Abdul S D, 2008. An assessment of observable and measurable traits as possible indices of live weight in local chickens of the Jos Plateau of Nigeria. Nigeria Poultry Science Journal, 5 (1):3-10.

Mbap S T and Zakar H, 2000. Characterization of local chickens in Yobe State, Nigeria. In: The role of Agriculture in Poverty Alleviation (Abubakar MM, Adegbola T A and Butswat I S R, eds.). Proceedings of the 34th Annual Conference of the Agricultural Society of Nigeria (ASN), October 15-19, 2000, Bauchi, pp 126-131

Mérat P, 1990a. Utilisation des gènes majeurs et des races locales: suggestions pour l'aviculture des pays de la Méditerranée. In Options Méditerranéennes, Série A/n°7- L'aviculture en Méditerranée, 15-27.

Missohou A, Sow RS, Ngwe Assoumou C. 1998. Caractéristiques morphobiométriques de la poule du Sénégal, Animal Genetic Resource Information, 24: 63-69.

Monsi A, 1992. Appraisal of interrelationships among live measurements at different ages in meat-type chickens. Nigerian Journal of Animal production, 19 (1 and 2):15-24.

Msoffe P L M, Mtambo M M A, Minga U M, Gwakisa P S, Mdegela R H And Olsen J E, 2002. Productivity and natural disease resistance potential of free ranging local chicken ecotypes in Tanzania Livestock Research for Rural Development 14 (3). http://www.cipav.org.co/lrrd/lrrd14/3/msof143.htm.

Ngou Ngoupayou, J.D. 1990. Country report on smallholder rural poultry production in Cameroon. In: CTA Seminar Proceedings. Smallholder Rural Poultry Production. Thessalonica, Greece. Oct. 1990. Vol. 2. p. 39-47.

Okpeku M, Orheruata M, Imumorin I G, 2003. Phenotype genetic variation among local chickens in Edo State of Nigeria. In: Nigerian Livestock: A goldmine for economic growth and food security (Taiwo A.A., Raji A M, Ogbonna J U and Adebowale E A eds.) proceedings of the 28th Annual Conference on the Nigerian Society for Animal production, March 16-20, 2003, Ibadan, pp 119-121.

Orheruata M A, Okpeku M and Imumorin I G, 2004. Phenotypic and body measurements characteristics in native and some exotic chickens in Edo State. In : Sustaining Livestock Production under Changing Economic Fortunes (Tikur H M, hassan W A, Maigandi S A, Ipinjolu J K, Danieli A I, Baba K M and Ororede B R, eds.). Proceedings of the 29th Annual Conference of the Nigerian Society for Animal Production, March 21-25, 2004, Sokoto, pp. 17-21.

Ouandaogo Z C, 1995a. Caracteristicas morphológicas y productivas de la raza local Naine. Sistema de Información para la Diversidad de los Animales Domésticos, FAO. http://dad.fao.org/cgi-dad/$cgi_dad.dll/databases?eng

Ouandaogo Z C, 1995b. Caracteristicas morphológicas y productivas de la raza local Nacked Neck (BF). Sistema de Información para la Diversidad de los Animales Domésticos, FAO. http://dad.fao.org/cgi-dad/$cgi_dad.dll/databases?eng

Ouandaogo Z C, 1995c. Caracteristicas morphológicas y productivas de la raza local Souche Kondé. Sistema de Información para la Diversidad de los Animales Domésticos, FAO.

Périquet J C, 1997. La poule: race, condition d'élevage, Hygiène et santé produits. Les cahiers d'élevage, ed Rustica, 112p.

Reyes-Leyva E, 1992. Evaluación de cuatro fenotipos de gallinas (Gallus domesticus) criollas en el valle de Iguala, Guerrero. Tesis de Licenciatura, Colegion Superior Agropecuario del Estado de Guerrero. Cocula, Guerrero. México. Pp.55.

Saidu I A, 2002. Characterization of local chickens in Bauchi. PhD Dissertation, Animal Production Programme, Abubakar tafawa Balewa University, Bauchi, pp.223.

Santoni S, Faivre-Rampant P, Prado E, Prat D, 2000. Marqueurs moléculaires pour analyse des ressources génétiques et l'amélioration des plantes. Ressources génétiques, Cahiers Agriculture, 9 : 311-327.

Sonaiya E B and Olori V E, 1990. Village chicken production in South-Western Nigeria. In: Rural poultry in Africa. Sonaiya E.B. (editor). Proceedings of an international conference on rural poultry production. Thelia House, O.A.U., Ile – Ife. P 243-247.

Tchoumboué J, Manjeli Y, Téguia A, Ewane NJ. 2000. Productivité et effets comparés de trois systèmes de conduite de l'élevage sur les performances de l'aviculture villageoise dans les hautes terres de l'Ouest-Cameroun. Science Agronomique et Développement, 2(1): 6-14.

PARAMÈTRES PHÉNOTYPIQUES ET GÉNÉTIQUES DU POIDS ET DU GMQ CHEZ LA CHÈVRE KIRDI (*CAPRA HIRCUS*) DANS LA ZONE SOUDANO SAHÉLIENNE DU CAMEROUN

Choupamom J[1], Meutchieye F[2], Njoya A[3] et Manjeli Y[2]
[1]Programme Petits Ruminants, Coordination des productions Animales et Halieutiques, Institut de recherches Agricoles pour le Développement ; Résidence BP 125 Bamenda
[2]Department of Animal Production, FASA-University of Dschang/ P.O Box: 188 Dschang – Cameroon;
[3]Direction des programmes CORAF Dakar, Sénégal

Résumé

Des données collectées entre 1990 et 1995 sur 1700 chevreaux Kirdi nés de 576 femelles dans la zone soudano sahélienne du Cameroun ont été utilisées. L'étude avait pour objectif l'estimation des paramètres phénotypiques et génétiques du poids vif et du gain moyen quotidien (GMQ) à la naissance, au sevrage, à 6, 9 et 12 mois. Les principaux résultats montrent que: Les corrélations phénotypiques entre le poids à la naissance et le poids à 12 mois (+0,38) suggèrent que le poids à la naissance et le meilleur prédicteur du poids vif à 12 mois. Les valeurs de l'héritabilité du poids vif varie de 0,3 à 0,6 entre la naissance et 12 mois, indiquant que ce trait peut être amélioré par sélection massale toutefois avec un risque de dystocie à la naissance. Les corrélations génétiques ont varié de - 0, 68 à + 0,99 signalant pour les valeurs positives que le poids au sevrage serait un bon prédicteur du poids vif à 12 mois. Le GMQ des chevreaux a été estimé à 57 g (entre 0 à 3 mois), à 30 g (entre 9 à 12 mois). Le GMQ a été significativement ($P<0,05$) affecté par la taille de la portée, l'année et la saison de naissance, le type de troupeau et le site. Les corrélations phénotypiques positives (+ 0,237) montrent que le GMQ entre (3-6mois) peut être le meilleur prédicteur du GMQ entre (9-12 mois). La seule valeur de l'héritabilité (0,115) a été obtenue entre 6 et 9 mois. Les corrélations génétiques probables mais négatives entre (0-3 mois) et (6-9mois) d'une part (– 0,862) et entre (0-3mois) et (9-12 mois) d'autre part (– 0,617) ne permettent pas de sélectionner avantageusement ce caractère.

Mots clés: Chèvre Kirdi, GMQ, Génotype, héritabilité, Cameroun

PHENOTYPIC AND GENETIC PARAMETERS OF WEIGHT AND AVERAGE DAILY GAIN IN KIRDI GOATS (*CAPRA HIRCUS*) IN THE SUDANO-SAHELIAN ZONE OF CAMEROON

Abstract

Data collected between 1990 and 1995 from 1700 Kirdi kids born of 576 females in the Sudano-Sahelian zone of Cameroon were used. The aim of the study was to estimate phenotypic and genetic parameters of live body weight and average daily gain (ADG) at birth, at weaning, at 6, 9 and 12 months. The main results indicate that phenotypic correlations between birth weight and weight at 12 months (0.38) suggest that birth weight is the best predictor of body weight at 12 months. Heritabilities for body weight vary range 0.3 to 0.6 between birth and 12 months, indicating that this trait can be improved by mass breeding, but with a risk of dystocia at birth. Genetic correlations ranged from - 0, 68 + 0.99, indicating for positive values that weight at weaning is a good predictor of live weight at 12 months. Goats' ADG was estimated at 57 g (from 0 to 3 months), 30 g (from 9 to 12 months). ADG was significantly ($P <0.05$) affected by litter size, year and season of birth, herd type and site. Positive phenotypic correlations (+ 0.237) show that ADG (between 3 and 6 months) may be the best predictor of ADG between 9 and12 months. The only value for heritability (0.115) was obtained between 6 and 9 months. Genetic correlations,

Corresponding author email: choupamom13@gmail.com

which are probable but negative between (0-3 months) and (6-9 months) on the one hand (- 0.862) and between (0-3mois) and (9-12 months) on the other hand (- 0.617) do not allow advantageous selection of that trait.

Keywords: Kirdi goat, ADG, Genotype, heritability, Cameroon

Introduction:

Les projections démographiques selon Diouf et Severino (2008), indiquent que la population du continent africain passera dans les quarante prochaines années de 800 millions à 1,8 milliard d'habitants. Or les problèmes majeurs de cette population se résument à la malnutrition (Cissé et al, 1996 ; Boussard et al, 2005) dont l'une des caractéristiques est le déficit en protéine d'origine animale. Selon la FAO (2004), la consommation de viande en Afrique demeure encore faible (13,1 kg de viande par habitant et par an, par rapport à 42 kg normalement recommandé). Pour remédier à cette situation de façon durable, il convient d'intensifier et de diversifier les sources de production de viande. Malheureusement, le cycle de reproduction allongé et la nécessité de grands espaces chez les bovins, la recrudescence de la grippe aviaire chez les volailles (OMS, 2006 ; Watanabe et al, 2008) et les tabous religieux (notamment dans les zones islamisées) qui pèsent sur l'espèce porcine représentent autant de contraintes à l'élevage de ces espèces. Par contre, la chèvre joue un rôle important dans les systèmes de production des pays africains. Elle constitue pour la majorité des couches sociales un capital sur pied convertissable en argent en cas de nécessité (Rege et Lebbie, 2000). La chèvre présente plusieurs avantages (Shafie, 1992, Jansen et Van den Burg, 2002) : elle survie facilement dans les régions pauvres et sèches où d'autres ruminants ne pourraient pas s'adapter. Son élevage comporte moins de risque. De plus le coût de son alimentation est faible comparativement aux monogastriques. Egalement, la chèvre est généralement précoce et très féconde et son élevage nécessite une faible expérience (Halima et al, 2012). Au Cameroun, l'élevage caprin occupe une place importante. La population caprine constitue la majeure partie des petits ruminants estimés 8,2 millions de tête (FAOstat, 2000). Les chèvres se rencontrent dans tous les systèmes agro écologiques du Cameroun et la moitié des effectifs essentiellement constituée de chèvre Kirdi est concentrée dans les provinces du Nord et de l'Extrême Nord (Ngo Tama et al, 1996). Au Nord Cameroun, l'effort de caractérisation qui s'est porté sur la chèvre Kirdi, n'a tenu compte que des aspects zootechniques, sanitaires et morpho- biométriques (Cardinale et al, 1996; Ngo Tama et al, 1996; Awa et al, 2002). Aucune étude des paramètres génétiques ne semble être signalée chez les chèvres. Pourtant ceux-ci sont indispensables pour la mise sur pied d'un programme d'amélioration génétique de cette espèce. L'objectif global de l'étude est de contribuer à une meilleure connaissance de la chèvre Kirdi pour choisir une méthode appropriée d'amélioration génétique. Plus spécifiquement, il s'agissait d'estimer les paramètres phénotypiques (corrélations phénotypiques) entre les poids vifs et entre les GMQ, ensuite d'évaluer les paramètres génétiques (héritabilité, corrélations génétiques) du poids vif et du GMQ en vue de sélectionner des chevreaux qui offrent des performances satisfaisantes à l'âge adulte.

Matériels et méthodes

Milieu d'étude

L'étude a été conduite dans les régions du Nord et de l'Extrême Nord Cameroun, régions situées dans la zone soudano sahélienne entre le 9° et le 12° de latitude Nord. Cette zone est caractérisée par un relief très diversifié constitué de Hautes Terres, de plaines et de piémonts (Figure 1). Le climat est de type tropical soudano sahélien, rythmé par une saison de pluies monomodale annuelle qui s'étend de juin à octobre. La saison sèche est froide de novembre à février, et chaude de mars à mai. La température moyenne annuelle est

d'environ 28°C, elle atteint des maxima de 45°C pendant le mois d'avril et des minima de 18°C en décembre. L'humidité relative oscille entre 30 et 50% en saison sèche. L'insolation annuelle varie de 2500 à 3300 heures (MNAGRI-FASA, 2000). La pluviométrie diminue du Nord (900 à 1000 mm de pluie par an) vers l'Extrême Nord (700 à 800 mm de pluie par an) (Cardinale et al, 1996). La végétation est constituée de savanes arbustives et arborées : dans le Nord, le tapis herbacé est dominé par Andropongon gayanus, Bracharya bryzantha, Loudatia togoensis et Pennisetum pedicellatum. Dans l'Extrême Nord, l'on rencontre Sclerocarya byrrea et Anogeussus leicarpus. D'autres espèces, telles que Schizachyrium exile, Pennisetum spp. et Schoenefeldia gracilis, dominent les Yaéré (zones inondables). Les ligneux les plus abondants sont Combretum glutnosium, Annona senegalensis, Strychnos spinosa, et Acacia dudgeoni sur sols sableux et, Terminalia laxiflora, Gardenia aqualla et Ziziphus abyssinica sur les sols temporairement inondés. Les sols sont généralement pauvres à l'exception des plaines inondables, avec cependant un potentiel agricole et pastoral important, mais qui exigent pour leur utilisation une grande maîtrise de l'eau (MINAGRI-FASA, 2000). La densité de la population varie de 50 habitants au km2 dans la province de l'extrême Nord à 9 habitants au km2 dans celle du Nord. L'élevage des chèvres est pratiqué par la quasi-totalité des populations de la région. Ici le cheptel caprin représente 51,7 % des chiffres nationaux (Njoya et al, 1997). Le suivi zootechnique avait pour objectif l'étude des paramètres zootechniques et sanitaires, la définition des facteurs limitants l'élevage des petits ruminants et la connaissance des pratiques d'élevage en milieu paysan en vue d'apporter des innovations (Cardinale et al, 1996).

Echantillonnage

Le choix des sites et des élevages a été réalisé en 1989 par Cardinale et al. (1996). C'est ainsi qu'une dizaine de sites ont été choisis et répartis dans les deux régions du Nord et de l'Extrême Nord en fonction des zones écologiques, de l'acceptation par les éleveurs des contraintes. Dans chaque localité, l'équipe de travail contacte des éleveurs et leur explique les objectifs du suivi ainsi que la méthodologie. Après plusieurs passages, les élevages volontaires ont été retenus. Les animaux nés dans le troupeau ont été choisis et identifiés à l'aide d'une boucle en plastique portant un numéro, ensuite ils ont été suivis jusqu'à l'âge d'un an. Au total 576 femelles, ayant réalisé 1118 mises bas, avec 1700 chevreaux enregistrés, ont été utilisées. Les animaux ont été nourris sur les parcours naturels toute l'année. En saison de pluies, ils sont gardés en claustration près des concessions afin de prévenir la destruction des cultures. Pendant cette période, les éleveurs nourrissent leurs animaux au fourrage frais récolté dans la journée. Quelques fois, les éleveurs rassemblent leurs animaux sous la direction de plusieurs bergers chargés de limiter leur déplacement à des pâturages circonscris. Certains éleveurs amènent leurs animaux au champ, les attachent au piquet et les ramènent après le travail. Généralement le fourrage est de faible valeur nutritive en saison sèche; comme conséquence, les éleveurs leur apportent une complémentation à base de résidus de récolte principalement. Au plan sanitaire, l'intervention de l'éleveur dépend de ses capacités financières et de ses connaissances ethno vétérinaires.

Collecte des données

Les données ont été collectées toute l'année entre 1989 et 1995. Chaque animal est pesé à l'aide d'un peson de marque SALTER de 20 g de précision et ayant une capacité de charge de 50 kg. les données d'élevage relevées ont été le sexe, poids mensuel de la naissance à 12 mois, les principaux événements survenus dans le troupeau (avortement, mise bas, mortalité et leurs causes), les variations démographiques (entrées et sorties), les dates et les causes de ces événements à intervalle de 30 jours. Des fiches ont été utilisées pour l'enregistrement des données de chaque animal.

GMQ = $p_{i+1} - p_i$ où Pi est le poids au temps ti.

$$r_{x_i z_i} \frac{\sum x_i z_i - \frac{(\sum x_i)(\sum z_i)}{n}}{\sqrt{(\sum x_i^2 - \frac{(\sum x_i)^2}{n})(\sum z_i^2 - \frac{(\sum z_i)^2}{n})}}$$

z_i moyenne des poids des descendants de la mère i à un âge,

β pente,

χ_i poids de la mère i à un âge donné,

N nombre de couple mère, moyenne des descendances,

Performances pondérales

Le poids de l'animal a été défini par groupe d'ages (tableau 1). Le gain moyen quotidien (GMQ) a été calculé suivant la formule ci-après, les pesées étant réalisées entre les temps ti et ti+1 espacées de D jours :

Corrélations phénotypiques

Le cœfficient de corrélation est obtenu par la formule de Becker (1975).

la formule suivante (Becker 1975).

Paramètres génétiques

L'héritabilité h^2 et son erreur standard (h^2) ont été obtenues en utilisant la formule de Becker (1975).

r_g $$r_g = \frac{\text{cov}\, x_1 z_2 + \text{cov}\, x_2 z_1}{2\sqrt{\text{cov}\, x_1 z_1 \times \text{cov}\, x_2 z_2}};$$

$h^2 = 2\ \beta$, β étant le coefficient de régression des performances de descendants sur un parent, ici la mère.

L'erreur standard de l'héritabilité est estimée selon la formule de Becker (1975)

Corrélation génétique

r_g selon la formule de Becker (1975) et son erreur standard (r_g) selon la formule de Falconer (1960).

Où

χ_1: Poids de la mère 1 ;

χ_2: Poids de la mère 2 ;

Z_1: Poids moyen des chevreaux de la mère 1;

Z_2: Poids moyen des chevreaux de la mère 2;

cov $\chi_1 Z_2$: Covariance entre le poids de la mère 1, et le poids moyen des chevreaux de la mère 2;
cov $\chi_2 Z_1$: Covariance entre le poids de la mère 2, et le poids moyen des chevreaux de la mère 1;

$$\text{s.e.}(r_g) = \frac{1 - r_g^2}{\sqrt{2}} \times \sqrt{\frac{s.e.(h_1^2)\, s.e.(h_2^2)}{h_1^2 h_2^2}}$$ où,

cov $\chi_1 Z_1$: Covariance entre le poids de la mère 1, et le poids moyen des chevreaux de la mère 1;

cov $\chi_2 Z_2$: Covariance entre le poids de la mère 2, et le poids moyen des chevreaux de la mère 2;

Erreur standard r_2

h_1^2: Héritabilité estimée de la régression du poids de la mère 1, et le poids moyen des chevreaux de la mère 1;

h_1^2: héritabilité estimée de la régression du poids de la mère 2, et le poids moyen des chevreaux de la mère 2;

s.e. (h_1^2) : Erreur standard de l'héritabilité du couple poids de la mère 1, le poids moyen des Chevreaux de la mère 1.

$$Y_{ijklmnopq} = \mu + s_j + d_k + t_l + b_m + c_n + a_o + f_p + z_q + \eta_{ijklmnopq}$$

S.e. (h_1^2) : Erreur standard de l'héritabilité du couple poids de la mère 2, le poids moyen des chevreaux de la mère 2.

Analyses statistiques

Le poids à âges types (naissance, 3 mois, 6 mois, 9 mois, 12 mois) et le GMQ ont été soumis à une analyse de la variance suivant

le modèle statistique :
Où

$Y_{ijklmnopq}$ représente respectivement le poids à l'âge type, et le GMQ entre les performances pondérales du chevreau i de sexe j appartenant au groupe des mères d'âge k, de type de naissance l, de rang de mise bas m, de la saison de naissance n, de l'année de naissance o, appartenant au troupeau de type p et du site q ;

μ est la moyenne de la population,

s_j: effet du sexe j des chevreaux (1=mâle, 2=femelle),

d_k: effet de l'âge k de la mère à la naissance du chevreau (1= âge de 0 à 36 mois,

2 = âge de 36 à 60 mois, 3= âge supérieur à 60 mois),

t_l: effet du type de naissance l (1 = simple, 2 = double, 3 = triple),

b_m: effet de la parité m (m = 1, 2, 3, 4, 5, 6, >=7),

c_n: effet de la saison de naissance n (1 = chaude, 2=froide, 3=pluie),

a_o: effet de l'année de naissance o (1=1990, 2=1991, 3=1992), 4=1993,5=1994, 6=1995),

f_p: effet du type de troupeau p (1 = troupeau uniforme, 2 = troupeau mixte),

z_q: effet du site q (1=Garoua, 2=Louggéré, 3=Mindif, 4=Mora, 5=Nord Est Bénoué, 6=Station),

$\eta_{ijklmnopq}$: erreur résiduelle.

La procédure GLM de SAS (1990) a été utilisée pour tester l'effet des différents facteurs sur le poids et le GMQ. La différence significative de Bonferroni a permis de séparer les moyennes quand les effets étaient significatifs.

Résultats

Paramètres génétiques et phénotypiques du poids vif à différents âges types

Il apparaît que les corrélations phénotypiques (tableau 2) varient de + 0,04 à + 0,38. La corrélation phénotypique entre le poids à la naissance et le poids à 12 mois (+ 0,38) suggère que le poids à la naissance est le meilleur prédicteur du poids vif à 12 mois. Les valeurs de l'héritabilité du poids vif sont présentées (en diagonale dans le tableau 2) sont, soit : 0,6 à la naissance, 0,4 au sevrage, 0,3 à 6 mois, 0,5 à 9 mois et 0,3 à 12 mois. Ces valeurs, qui varient entre faible et modéré, laissent croire que ces traits pourraient être améliorés par la sélection sur la base du mérite de chaque individu (sélection massale). La valeur de l'héritabilité à la naissance révèle que les chevreaux pourraient être sélectionnés précocement; évitant ainsi des pertes économiques dues à l'alimentation et au gardiennage des vouées à l'élimination ; seulement cette pratique expose les animaux sélectionnés au risque de dystocie.

Les corrélations génétiques (au dessus de la diagonale du tableau 2) fluctuent en fonction de l'âge de – 0,68 à + 0,99. Bien que plusieurs valeurs aient été éliminées à cause des valeurs très élevées, la corrélation génétique entre le poids au sevrage et le poids à 12 mois (+896) montre que le poids au sevrage serait un bon prédicteur du poids à 12 mois. La corrélation génétique négative entre le poids à la naissance et le poids à 9 mois révèle qu'une amélioration du poids à la naissance entraînerait une réduction du poids à 9 mois. L'inverse peut permettre d'éviter le risque de dystocie

Tableau 1: Définition des poids à âges types

Intervalle	Désignation
0 à 10 jours	poids à la naissance.
90 ± 15 jours	poids au sevrage
180 ± 15 jours	poids à 6 mois
270 ± 15 jours	poids à 9 mois
360 ± 15 jours	poids à 12 mois

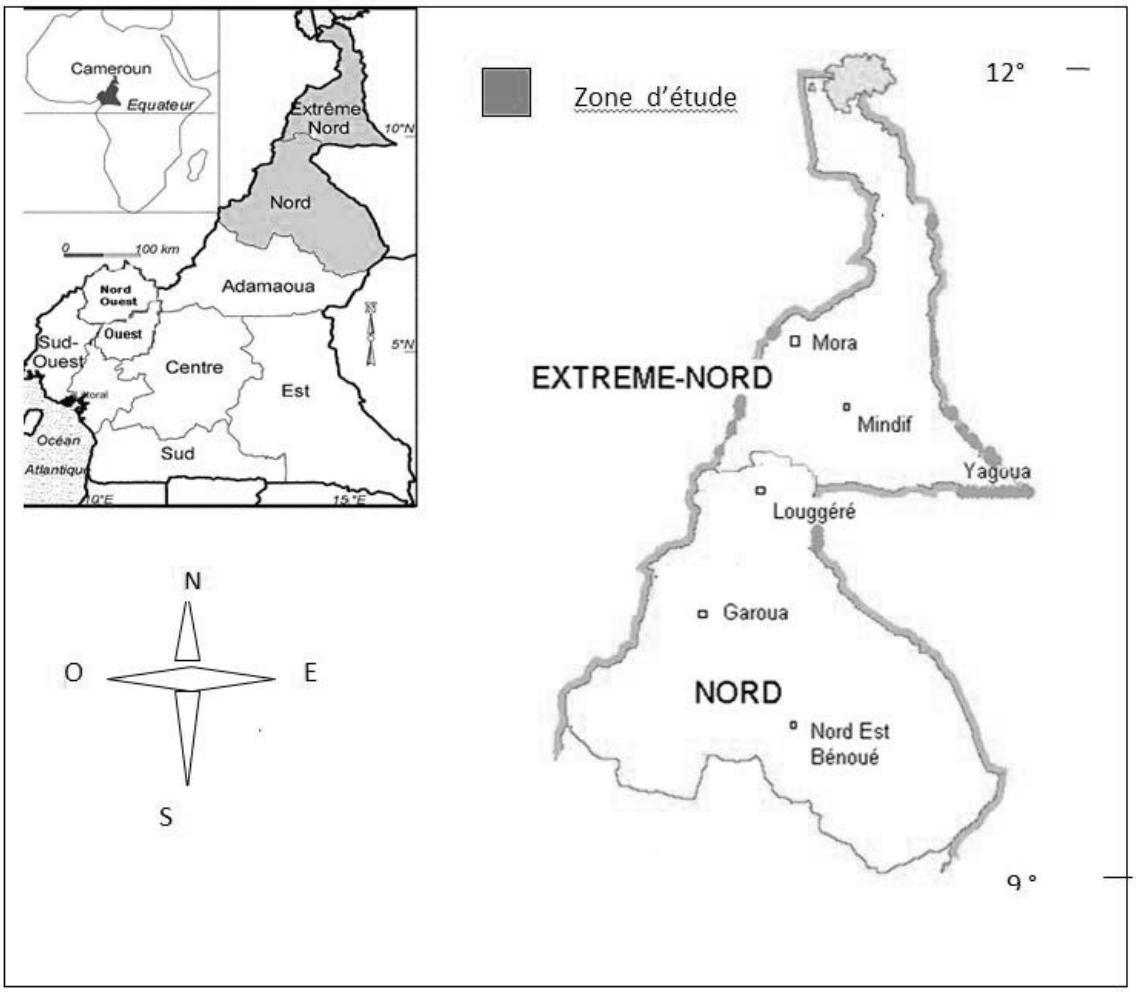


Figure 1: Milieu d'étude

Tableau 2 : Héritabilité, corrélations génétiques et phénotypiques entre poids vifs des che- vreaux kirdi à âges typesdans le Nord Cameroun

	Naissance	**sevrage**	**6 mois**	**9 mois**	**12 mois**
naissance	0,594 0,239	0,688	//	-0,682	//
sevrage	0,214	0,394 0,152	0,998	0,673	0,896
6 mois	0,315	0,149	0,308 0,160	//	//
9 mois	0,135	0,122	0,213	0,483 0,299	//
12 mois	0,383	0,274	0,354	0,040	0,295 0,199

Héritabilité sur la diagonale, corrélation génétique au dessus de la diagonale, corrélation phénotypique en dessous de la diagonale

Tableau 3 : Héritabilité, corrélations génétiques et phénotypiques entre GMQ à différents âges

	0 - 3 mois	3 - 6 mois	6 - 9 mois	9 – 12 mois
0 – 3 mois	/	/	-0,862	-0,617
3 – 6 mois	-0,425	/	/	/
6 – 9 mois	-0,687	0,196	0,115 0,623	/
9 – 12 mois	-0,579	0,237	0,198	/

Héritabilité sur la diagonale, corrélations génétiques au dessus de la diagonale, corrélations phénotypiques au dessous de la diagonale

Paramètres génétiques et phénotypiques du GMQ à différents âges types

Les corrélations phénotypiques (en dessous de la diagonale du tableau 3) varient de -0,687 à + 0,237. Par ailleurs, les valeurs négatives des corrélations entre 0-3 mois et 3-12 mois ne permettent pas de sélectionner avantageusement le GMQ entre ces âges. La corrélation négative indique qu'une sélection sur le GMQ entre 0-3 mois s'accompagnera de la diminution des performances du GMQ entre (3-12) mois et vis versa. Par contre, la valeur élevée (+ 0,237) de la corrélation entre 3-6 mois et 9-12 mois montre que le GMQ entre 3 à 6 mois) peut être le meilleur prédicteur du GMQ entre 9 à 12 mois. Les valeurs de l'héritabilité du GMQ (présentées en diagonale dans le tableau 3) n'ont été estimées que pour le GMQ entre 6 et 9 mois (0,115), les autres estimations étant avérées improbables. Des investigations supplémentaires sont nécessaires par rapport à l'estimation de l'héritabilité à ces périodes. Des corrélations génétiques (au dessus de la diagonale dans le tableau 3) ont été éliminées pour des valeurs improbables (très élevées) ; les valeurs négatives ne permettent pas de sélectionner avantageusement les GMQ à des âges avancés.

Discussion

L'héritabilité du poids vif (0,60) de la chèvre Kirdi à la naissance, dans notre étude est forte ; elle est 0,40 plus élevé que les valeurs estimées chez la chèvre Draa au Maroc (0,16), la chèvre Arsi-Bale (0,09±0,08) d' Ethiopie, chez la chèvre Boer (0,16), chez la chèvre Emirati (0,18), et la chèvre Dual purpose composite (0,13) au Kenya respectivement par Boujenane et Hazzab (2008), Bedhane et al, (2013), Schoeman et al,(1997), Al-Shorepy et al,(2002), Mugambi et al,(2003). Dans cette étude la valeur de l'héritabilité est élevée à la naissance parce que l'héritabilité des effets additifs n'est pas séparée des différents effets environnementaux. Au sevrage l'héritabilité du poids vif estimée chez la chèvre Kirdi (0,40) est légèrement faible que celle enregistrée chez la chèvre sahélienne (0,45) par Otuma et Osakwe (2008). L'héritabilité du poids vif de la chèvre Kirdi domine celle des chèvres Emirati (0,29), Cachemire (0,35) Blended goat (0,09), Créole (0,22) Jamnapari viandeux (0,33) Damascus (0,05) et Angora (0,33) rapportée respectivement par Al-shorepy *et al.,* (2002), Bishop et Russel (1996), Das et al, (1996). A 6 mois, l'héritabilité du poids vif de la chèvre Kirdi (0,30) est inférieure de 15 % de celle de la chèvre sahélienne (0,45) mentionnée par (Otuma et Osakwe, 2008); elle est voisine de celle de la chèvre Jamnapari viandeux (0,36) estimée (Singh et al, 1993) ; elle est 20 % plus élevée que celle des chèvres Blended Goat (0,14) et Dual Purpose Goat (0,16) trouvées par Das et al, 1996) et (Mugambi et al, 2003). A 9 mois, l'héritabilité du poids vif de la chèvre Kirdi (0,50) est environ le double de celle de la chèvre Jamnapari viandeux (0,29). Il faut mentionner que peu d'auteurs ont estimé la valeur de l'héritabilité à cet âge parmi les auteurs consultés. L'héritabilité du poids vif à 12 mois n'a pas été estimée également chez la plupart des auteurs consultés. Dans cette étude, l'héritabilité du poids vif à différents âges, globalement élevée, montre que l'interaction entre le génotype et l'environnement permettrait une bonne

expression du potentiel génétique de la chèvre Kirdi ; ce résultat suggère également que le poids des chevreaux Kirdi peut être amélioré par sélection massale. Les différences observées entre nos valeurs et celles des autres auteurs sont attribuables aux différences génétiques, aux conditions environnementales et aux fluctuations de l'échantillonnage : en effet dans cette étude, la taille de échantillon qui intervient dans les estimations diminue avec l'âge ; de plus les chèvres sont élevées essentiellement, en extensif contrairement à la plupart de chèvre en comparaison qui sont élevés en semi ou en intensif (Dzakuma et al, 1978, Das et al, 1996; Boujenane et El–Hazzab (2008). Certains auteurs (Das et al, 1996; Inyangala et al, 1990, Manjeli et al, 2003) ont établi que l'héritabilité à la période post sevrage est généralement plus élevée qu'en période pré sevrage. Cette affirmation semble ne pas se vérifier dans cette étude puisque l'héritabilité a baissé globalement de la naissance à 12 mois, à l'exception de l'héritabilité du poids vif à 9 mois. Ceci peut indiquer qu'il existe des facteurs additionnels qui exerceraient leur influence sur les performances pondérales très tôt dans la vie du chevreau Kirdi. Plusieurs auteurs (Olson et al, 1976; Inyangala et al, 1990; Manjeli et al, 2003) affirment que la sélection à un âge avancé favoriserait la maximisation du poids à un an d'âge. Ce raisonnement semble se vérifier chez la chèvre Kirdi puisque l'héritabilité estimée du poids vif (0,49) à 9 mois remplit cette condition ; Cependant, cette opération pourrait entraîner des coups de productions supplémentaires. Les corrélations génétiques sont très variables (de - 0,68 à + 0,99) malgré la présence de quelques valeurs très élevées entre la naissance et 12 mois. Ces résultats sont partiellement en accord avec ceux estimés chez les chèvres appelées common Africa Alpine goat, Emirati goat, Sicilian Girgentana goat et West african Dwarf goat rapportés respectivement par Mourad et Anous (1998); Al-shorepy et al, (2002); Portolano et al, (2002); Bosso et al, (2007) qui ont montré que ces valeurs varient entre +0,07 et +0,95 entre la naissance et 6 mois. Il en est de même pour les corrélations génétiques observées par Rashidi et al, (2008) qui a établi que les valeurs varient de +0,21 à + 0,96 entre la naissance et un an chez la chèvre Markhoz. Dans notre étude, les corrélations génétiques négatives de même que les corrélations surestimées peuvent s'expliquer à la fois par le faible nombre d'observations dans les cas considérés ainsi que par la qualité même des observations: en effet il n'est pas rare de rencontrer des chèvres pesant 20 kg en début de saison de pluie perdre de poids, puis se retrouver en fin de saison de pluie avec moins de 15 kg de fait de la sous alimentation et des affections parasitaires chez les chèvres en claustration. Les corrélations phénotypiques sont positives (de + 0.04 à +0.38) entre le poids à la naissance et le poids à 12 mois. Ses observations sont en accord avec celles de nombreux auteurs (Mavrogenis et al, 1984; Mourad et Anous, 1998; Al-Shorepy et al, 2002; Portolano et al, 2002; Boujenane et El-Hazzab, 2008) qui ont enregistré des corrélations phénotypiques variant de + 0,15 à + 0,52; nos observations ne s'accordent pas avec celle de Bedhane et al, (2013) chez la chèvre Arsi-Bale (0,12) entre la naissance et un an ; ni celle de Mugambi et al, (2003) qui ont trouvé des corrélations phénotypiques négatives entre le poids à la naissance et le poids au sevrage. Dans notre étude, la corrélation phénotypiques entre la naissance et 12 mois montre qu'il est avantageux de sélectionner les chevreaux kirdi à la naissance: ce choix permet de faire des économies sur l'alimentation et le gardiennage des animaux sortis du circuit de sélection. L'héritabilité estimée est improbable sur toute la période, à l'exception de l'âge entre 6 et 9 mois Ceci serait une conséquence du faible nombre observations et des réalités du milieu réel. Cependant, l'héritabilité du GMQ estimée par Bosso et al, (2007) chez la chèvre naine d'Afrique de l'Ouest est de 0,32, Chun-Yan Zhang et al, (2009) ont estimé une faible héritabilité du GMQ chez la chèvre Boer (0,07) en Chine entre 0 et 3 mois; tandis qu'entre la naissance et 300 jours, elle variait entre 0,08 et 0,30. L'héritabilité du GMQ estimée par

Portolano et al, (2002) entre 30 jours et 45 jours, est très faible (0,06), de même que l'héritabilité entre 45 et 60 jours (0,16). Entre 6 et 9 mois, L'héritabilité du GMQ (0,11) de nos observations est similaire à celle du GMQ rapportée par Bosso et al, (2007) chez la chèvre naine d'Afrique de l'Ouest (0,11). Au sevrage et à 6 mois, Das et al, (1996) rapportent que l'héritabilité du GMQ chez la chèvre Blended goat est respectivement de 0,10 et 0,15. Dans notre étude, l'héritabilité du GMQ est improbable entre la naissance et 12 mois, à l'exception de l'héritabilité du GMQ entre 6 et 9 mois. Certaines valeurs des corrélations génétiques sont rejetées à cause de leur incohérence; celles qui sont fortement négatives (entre - 0,86 et - 0,61) ne permettent pas de sélectionner le GMQ. Dans la littérature, la plupart des auteurs proposent des corrélations génétiques entre le poids et le GMQ; c'est ainsi que Portolano et al, (2002) rapportent que les corrélations génétiques entre le poids et le GMQ varient entre -0,32 à + 0,93 chez les chèvres Sicilian Girgentana Goat; chez la chèvre West African Dwarf Goat, Bosso et al, (2007) estiment qu'elles varient entre + 0,60 et + 0,92. Dans cette étude, les corrélations phénotypiques entre les GMQ sont très variables chez la chèvre Kirdi (de – 0,68 à + 0,23). Toutefois les corrélations phénotypiques positives peuvent permettre de sélectionner entre 3-6 mois le GMQ pour la croissance des chevreaux entre 9-12 mois. Cependant nous n'avons pas rencontré dans la littérature consultée les corrélations phénotypiques entre GMQ. Plusieurs auteurs (Portolano et al, 2002, Bosso et al, 2007 ; Dadi et al, 2008) ont estimé plutôt les corrélations entre le Poids vif et le GMQ.

Conclusion

Au terme de notre étude il apparait que l'héritabilité du poids vif varie entre faible et modéré à différents âges. Le poids vif à la naissance peut permettre de sélectionner les chevreaux Kirdi sur la base de ses mérites propres, L'héritabilité du GMQ est faible. Cependant, le GMQ entre 6 et 9 mois d'âge peut permettre de sélectionner avantageusement les chevreaux Kirdi pour maximiser la croissance à 12 mois sur la base de ses mérites propres. Il existe des corrélations phénotypiques positives et moyennes entre poids vifs et entre GMQ à différents âges; les corrélations positives entre poids vifs montrent que le poids vif à la naissance peut être utilisé pour sélectionner la chèvre Kirdi pour son poids à un an, tandis que les corrélations phénotypiques positives entre GMQ révèlent que le GMQ entre 3-6 mois d'âge permettent de sélectionner les chevreaux qui présentent une bonne aptitude de croissance entre 9-12 mois. Il existe des corrélations génétiques entre les poids vifs et entre les GMQ à différents âges. Les corrélations positives et fortes entre le poids au sevrage, et les poids à 6, 9 et 12 mois, montrent que les sujets peuvent être sélectionnés au sevrage pour l'amélioration du poids à 12 mois. Les corrélations négatives entre GMQ ne permettent pas de sélectionner sur la base de cette caractéristique. Les outils plus récents de génomique pourraient être appliqués pour accélérer la mise en place d'un schéma d'amélioration du cheptel Kirdi Camerounais.

Remerciements

Nous sommes reconnaissants au projet Garoua II, projet petits ruminants du CIRAD qui ont pendant ces longues années financé nos déplacement sur le terrain, A Monsieur Ndongmo clovis pour le sacrifices consentis dans l'analyse des données. Nous n'oublions pas les collègues de terrain Jean Paul Mahop, Jacob Kameni, Daniel Tehjogo, les chauffeurs Samuel Betel, Djidda Barma, Ainsi que Monsieur Kamsouloum Directeur de la station zootechnique Minepia de Lougueré.

Références

Al-Shorepy SA, Alhadrami GA, Abdulwahab K, 2002. Genetic and phenotypic parameters for early growth traits in emirati goat Small Rumin. Res. 45 : 217-223.

Awa DN, Ngagnou A, Tefiang E, Yaya D, Njoya A, 2002. Post vaccination and colostral peste des petits ruminants antibody dynamics in research flocks of Kirdi goats and foulbe sheep of North Cameroon. In : Savanes africaines: des espaces en mutation, des acteurs face à de nouveaux défies. Actes du colloque, mai 2002, Maroua, Cameroun, Djamena, Tchad, Prasac, CD rom

Bedhane M, Haile A, Dadi H, Alemu T, 2013. Estimates of Genetic and Phenotypic Parameters for Growth Traits in Arsi-Bale Goat in Ethiopia. J Anim Sci Adv, 3(9): 439-448

Boujenane, A. and Hazzab, El., 2008. Genetic parameters for direct and maternal effects on body weights of Draa goats. Small Ruminant Research 80:16-21.

Becker WA, 1975. Manuals of quantitative genetics. Student Book Corporation. E. Thatuna, Washington State University.170 p.

Bishop SC, Russel AJF, 1996. Selction response and genetic parameters. Roslyn Institute, Roselin, Midlothian EH25 9PS, Scotland.

Bosso NA, Cissé MF, van der Waaij, EH, Fall A, van Arendonk JAM, 2007. Genetic and phenotypic parameters of body weight in West African Dwarf goat and Djallonké sheep. Small Rumi. Res.67:271-278.

Boussard JM, Daviron B, Gérard F, Voituriez T, 2005. Food Security and Agricultural Development in Sub-Saharan Africa: Building case for more support .Background document final report .CIRAD for FAO.113 p.

Cardinale E, Ngo-Tama AC, Njoya A, 1996. Elevage des petits ruminants: connaissance et amélioration de la productivité. In Agriculture des savanes du Nord Cameroun. Présentée à l'atelier d'échange, Garoua, Cameroun, 25-29 Novembre 1996. p 97-109.

Chun-Yan Z, Ying Z, De-Qing X, Xiang L, Jie S, Li-Guo Y, 2009 Genetic and phenotypic parameter estimates for growth traits in Boer goat. Elsevier.

http// www. Scincedirect.com/ science consulté le 28 avril 2009

Cissé M, Fall Y Ly I, 1996. Performances laitières et état nutritionnel des chèvres du Sahel conduites sur parcours naturels: Relations avec la croissance des chevreaux. In Small Ruminant Research and Development in Africa. Proceedings of the Third Biennial Confe- rence of the African Small Ruminant Research Network UICC, Kampala, Uganda 5-9 December 1994.

Dadi H, Duguma G, Shelima B, Fayera T, Tadesse M, Woldu T, Tucho, TA, 2008. Non genetic factors influencing post weaning growth and reproductive performances of Arsi-Bale goats. Livestock Research for Rural Development. http://www.lrrd.org/lrrd20/7/dadi20114.htm

Das SM, Rege JE0, Mesfin S, 1996. Phenotypic and genetic parameters of growth traits of Blended goats at Malya, Tanzania. In: Lebbie S H B and Kagwini E (Editors). Small Ruminant Research and Development in Africa. Proceedings of the Third Biennial Conference of the African Small Ruminant Research Network, UICC, Kampala, Uganda, 5-9. December 1994. ILRI (International Livestock Research Institute) Nairobi, Kenya; pp 63-69. http://www.fao.org/wairdocs/ilri/x5473b/x5473b0j.htm

Diouf J, Severino JM, 2008. La hausse des prix agricoles, une chance pour l'Afrique. Journal le Monde, Page 22. Parution du 17 avril 2008

Dzakuma JM, Nielson MK, Doane TH, 1978. Genetic and phenotypic parameter estimates for growth and wool traits in Hampshire sheep. Journal of Animal Research, Vol. 47 (5) 1014-1021.

Falconer DS, 1981. Introduction to quantitative genetics. 2nd edition. Longman, London,

FAOstat, 2000, Annuaire statistique de la FAO.

FAO, 2004. Annuaire statistique de la FAO (Fao Statistical yearbook.)

Halima H, Michael B, Rischkowsky B, Tibbo M, 2012. Phenotypic characterization of Ethiopian indigenous goat populations. African Journal of Biotechnology Vol. 11(73), pp. 13838-13846, 11 September, 2012. online at http://www.academicjournals.org/AJB Consulté le 08/08/2015

Inyangala BAO, Rege JEO, Itulya S, 1990. Growth Trait of Dorper sheep II. Genetic and phenotypic

parameters. In proceeding of the first Biennal Conference of the African Small Ruminant Research Network held at ILRAD, Nairobi, Kenya, 10-14 December 1990. African Small Ruminant Research Network, ILCA (International Livestock Centre for Africa), Nairobi, Kenya pp. 517-526. http://www.fao.org/wairdocs/ILRI/x5473b/x5473bod.htm#.

Jansen C, Van den Burg K, 2002. L'élevage des chèvres sous les tropiques. Agrodok 7, AGROMISA. CTA 2002. 100p.

Manjeli Y, Tchoumboué J, Njwe RM, 2003. Phenotypic and genetic parameter of body Weights of black belly sheep. Journal of the Cameroon academy of sciences vol. 3 N° 2: 81-86.

MINAGRI-FASA, 2000. Guide d'utilisation des engrais au Cameroun, Volume 1 : Caractérisation des principales terres agricoles du Cameroun Faculté d'Agronomie et des sciences agricoles. University press 124 p.

Mourad M, Anous MR, 1998. Estimates of genetic and phenotypic parameters of some growth traits in common african and Alpine crossbred goats Small Rumin. Res.27, 192- 202

Mugambi J, Wakhungu J, Inyangala B, Muhuyi W, Muasya T, 2003 Evaluation of the performance of the Kenya Dual Purpose Goat composites: Additive and non-additive genetic parameters . Small Ruminant Research Volume 72 (2 – 3) : 149 - 156.

Ngo-Tama AC, Bourzat D, Zafindrajaona PS, Lauvergne JJ, 1996. Caractérisation Génétique des caprins du Nord Cameroun. In proceeding of the third Biennal Conference of the African Small Ruminant Research Network UICC, Kampala, Uganda, 5-9 December 1994; pp: 55-62.

Njoya A, Bouchel D, Ngo-Tama AC, Moussa C, Martrenchar A, Letenneur L, 1997. Système d'élevage et productivité des bovins en milieu paysan dans le Nord-Cameroun. Revue mondiale de zootechnie 89(2) : 12 – 17.

OMS, 2006. Grippe aviaire. http:// www.who.int/about/fr

Otuma OM, Osakwe II, 2008. Estimation of genetic parameters of growth traits in Nigerian Sahelian Goats. Journal of Animal and Veterinary advances 7 (5) 535-538.

Portolano B, Todaro M, Finocchiaro R, van Kaam JHBCM, 2002 Estimation of the genetic and phenotypic variance of several growth traits of the Sicilian Girgentana goat. Small Rumin. Res. 45:247-253

Rashidi A, Sheikhahmadi M, Rostamzadeh J, Sheestha, JNB, 2008. Genetic and phenotypic parameter estimates of body weight at different ages and yearling fleece weight in Markhoz goats. Asian Australian J. of anim. Sci. pp.

Rege JEO, Lebbie SHB, 2000. The goat resources of Africa: origin, distribution and contribution to national economies. In 7th International Conference on Goats, France, 15-21 may 2000.pp 927-931.

Shafie MM, 1992. Morphological and anatomical characteristics of subtropical sheep and goats as means of adaptation to hot climate. Paper presented at 43 rd annual meeting of the European Association for Animal Production, Madrid, Spain, 14-19 September 1992.

Schoeman SJ, Els JF, Van Niekerk MM, 1997. Variance components of early growth traits in the Boer goat. Small Rumin. Res. 26: 15-20.

Watanabe T, Watanabe S, Jin HK, Hatta M, Kawaoka Y, 2008. Novel Approach to the Development of Effective H5N1 Influenza A Virus Vaccines : Use of M2 Cytoplasmic. Journal of virology. 2008; 82 (5): 2486-2492.

DIVERSITÉ PHÉNOTYPIQUE DE L'ÂNE DOMESTIQUE DANS LA RÉGION DE HADJER-LAMIS, ZONE SAHÉLIENNE DU TCHAD

Daloum S, Meutchieye F et Manjeli Y.
Département des Productions Animales, FASA-Université de Dschang

Résumé

L'étude a été conduite de décembre 2013 à mars 2014 dans la région de Hadjer-Lamis en zone sahélienne du Tchad. L'objectif général de notre étude était de contribuer à une meilleure connaissance de la diversité des ânes en vue de sa préservation et de son amélioration génétique. Il a été question d'évaluer la variabilité morphobiométrique et d'en déduire la structure et les relations phylogénétique des ânes communs dans la région. Un échantillon de 408 ânes adultes composés de 211 mâles et 197 femelles a été choisi au hasard dans 3 départements de la région. Les principaux résultats montrent que la robe est variable, avec la couleur souris est dominante (36%) alors que la robe blanche (8%) est la moins prévalente. La hauteur au garrot est de 102,35±4,83 cm, la hauteur à la croupe 105,64± 4,66 cm, la longueur totale du corps 109,32±5,03 cm, le pourtour thoracique 113,33±5,24 cm, la longueur de l'oreille 24,92±11,36 cm et la longueur de la queue 56,39±4,99 cm. Les corrélations sont positives et significatives (P<0,01) entre le poids vif et la hauteur au garrot (73%). L'équation de type polynomial (PV= 1365 – 27,40HG + 0,0153HG2) semble mieux prédire le poids vif (R2 =0,56). Les principaux indices suggèrent que les ânes sont respectivement longilignes, hypermétriques, courts sur patte et ayant des bonnes aptitudes bouchères. L'Analyse en Composantes Principales (ACP) montre que la hauteur au garrot, la hauteur à la croupe et la hauteur à la poitrine contribuent à plus de 56% à la variation entre les individus de la population. L'Analyse Factorielle Discriminante (AFD) montre que la population serait constituée de 5 types génétiques, l'arbre phylogénétique précisant les liens entre les types de la structure de la population. La diversité observée permet de conclure qu'il existe des possibilités d'amélioration génétique de cette population asine.

Mots clés : Biodiversité, biométrie, âne, Tchad

PHENOTYPIC DIVERSITY OF DOMESTIC DONKEYS IN THE SAHELIAN REGION OF HADJER-LAMI, CHAD

Abstract

This study was conducted from December 2013 to March 2014 in the Sahelian region of Hadjer-Lamis, Chad. The overall objective of our study was to contribute to a better understanding of the diversity of donkeys for their preservation and genetic improvement. The study was to assess morphobiometric variability and on this basis determine the structure and phylogenetic relationships among common donkeys in the region. A sample of 408 adult donkeys comprising of 211 males and 197 females were randomly selected from three districts in the region. The main results show that the coat color was variable, with the mouse-gray color being dominant (36%) while the white coat (8%) was the least common. Height at withers was 102.35 ± 4.83 cm, rump height 105.64 ± 4.66 cm, total body length 109.32 ± 5.03 cm, chest girth 113.33 ± 5.24 cm, ear length 24.92 ± 11.36 cm and tail length 56.39 ± 4.99 cm. Correlations were positive and significant (P <0.01) between live weight and wither height (73%). The polynomial type equation (PV = 1365 - 27,40HG + 0,0153HG2 +) seems to better predict body weight (R2 =06). The main indices suggest that donkeys are elongated, hypermetric, short-legged, and are eligible for carcass. The Principal Component Analysis (PCA) shows that height at withers, rump height and chest height contribute over 56% to variation between individual animals within a population. The Discriminant factorial Analysis (AFD) shows that the population consists of five genetic types, the phylogenetic tree indicating links between types of the population structure. The observed diversity leads to the conclusion that there are opportunities for genetic improvement of this donkey population.

Corresponding author email : daloumsolidairebanda85@yahoo.fr

Keyords : Biodiversity, biometrics, donkey, Chad

Introduction

Dans le monde, notamment en Afrique et en Asie, l'âne est particulièrement adapté dans les régions arides et semi-arides. Il tolère les températures très élevées, les hautes radiations solaires et la sécheresse (Youssouf et Babiker, 1983). C'est un animal de transport pour le nomade, de traction indispensable dans les exploitations agro-pastorales, mais surtout utilisé par les pauvres gens en raison de son faible coût d'entretien et de sa polyvalence (Ouedraogo, 1996). On reconnaît également des vertus médicinales au lait asin (contre la tuberculose, les empoisonnements) et cosmétiques (savons, de crème hydratante) Siméon, (2008). La viande d'âne est très prisée dans les pays comme la Chine, l'Italie, l'Espagne etc. (Piccione et al, 2008; Siméon, 2008) mais ailleurs, sa consommation est limitée à cause de certains facteurs socioreligieux (Olivier, 2008). L'âne a été longtemps considéré comme un indicateur du retard et du sous-développement (Starkey, 1995). Cette attitude négative envers l'âne a conduit à une méconnaissance traditionnelle de ses usages, à un manque d'investissement pour la recherche de son amélioration (Marshall et Zahra, 2000). Pourtant, nécessité d'une connaissance des ânes s'impose dans la perspective d'élargissement des possibilités de leur préservation et de leur utilisation (FAO, 2008). Au Tchad, la population asine est estimée à 430 000 têtes (PNDE, 2009) où elle joue un rôle socio-économique très important. Cependant, très peu d'études ont été menées sur cette espèce, et que de nombreuses inconnues existent encore sur les caractéristiques de cette espèce. Pour étudier la diversité génétique, plusieurs techniques sont connues : la caractérisation phénotypique, la caractérisation moléculaire et le système d'information géographique (FAO, 2008). La caractérisation morphobiométrique a été proposée comme l'une des stratégies d'analyse des populations domestiques (Bouchel et al, 1997). L'objectif général était donc de contribuer à une meilleure connaissance de la diversité génétique des ânes en vue de sa préservation et de son amélioration génétique. Plus spécifiquement, il s'agit d'évaluer la variation morphobiométrique ; estimer le coefficient de corrélation entre les mensurations ; proposer les équations de prédiction du poids vif des ânes en fonction des mensurations et estimer quelques indices biométriques ; analyser la variabilité génétique, la structure et les relations génétiques.

Matériels et méthodes

Localisation et Caractéristiques géo-climatiques de la zone d'étude

La Région d'Hadjer-Lamis (figure 1) est un bassin sédimentaire regorgeant d'importantes ressources hydrauliques. Deux types de terrains différents : existe ; les dunes sableuses et les oasis. Le climat y est de type sahélien, comprenant une saison humide de 3 à 4 mois (juin à septembre) et une saison sèche de 8 à 9 mois (octobre à mai). Les températures varient de 20 °C à 45 °C et la pluviométrie annuelle varie entre 200 et 400 mm. Depuis 2005, la pluviométrie de la Région est passée de 429 mm à 282 mm (ONDR, 2009 cité par Oxfam, 2010). L'humidité relative varie de 25 % (février-mars) à 77 % (août). La végétation est constituée d'une steppe arbustive et par un tapis clairsemé de graminées (Oxfam, 2010).

Matériel animal

Cette étude a été réalisée sur des troupeaux d'ânes de la région de Hadjer-Lamis. Un échantillon de 408 ânes adultes a été observé et reparti dans trois départements, en tenant compte du sexe et des départements d'origine (tableau 1).

Collecte des données

La méthode de collecte est dérivée de l'approche élaborée par Lauvergne (2006) et adaptée par la FAO (2013) pour les caractères quantitatifs. L'âge de l'animal donné par les éleveurs a été complété par l'observation de la dentition (Rabier, 2012).

Paramètres étudiés et calculés chez les ânes

La couleur de la robe a été identifiée par observation directe à la lumière du jour ainsi que le sexe de l'animal. Les mensurations corporelles (figure 2) ont été obtenues à l'aide des équipements suivants : ruban métrique pour la mesure des paramètres se rapportant aux longueurs et aux circonférences et une toise pour les paramètres de hauteur (0,1 mm de précision). Le poids vif (PV) a été estimé par la formule proposée par (MMDA, 2011).

$$\text{Poids vif (Kg)} = \frac{((HG - VSS) \times PT \times LT)}{3500}$$

HG : Hauteur au garrot ;VSS :Vide sous sternal ; PT : Pourtour thoracique ; LT : Longueur totale.

Indices biométriques des ânes

- Indice corporel de profil(ICP), rapport entre la hauteur au garrot (HG) et la longueur totale (LT) selon Mariante et al, (2002) ;
- Indice de la hauteur pectorale(IHP), rapport entre la hauteur de la poitrine (HP) et le vide sous-sternal (VSS) selon Marcenac et al, (1980). Cet indice permet de voir si l'animal est haut sur patte (0,50≤IHP≤0,55) ou court sur patte (IHP>0,56) ;
- Indice dactylo-thoracique(IDT), rapport entre le tour du canon antérieur (TCA) et le pourtour thoracique (PT) d'après Chabchoub et al, (2004). Cet indice permet de définir trois types d'animaux : hypermétrique, eumétrique et éllipometrique ;
- Indice de compacité(Icom), rapport entre le poids vif (PV) et la hauteur au garrot (HG) selon Boujenane et al, (2008) ;
- Hauteur devant - derrière(HDD), rapport entre la hauteur au garrot (HG) et la hauteur à la croupe (HC) d'après Marcenac et al, (1980). HDD≤1 (dos rectiligne pas de surcharge), HDD>1) indiquent que la région antérieure est plus élevés que celle postérieure, transférant le centre de la gravité aux extrémités postérieures (surcharge) ;
- Indice ou Rapport corporel(RP) ou la massivité; rapport entre le pourtour thoracique (PT) et la hauteur au garrot (HG) selon Mariante et al, (2002). Cet indice permet de voir si l'animal support son poids. RP≤1 (support bien son poids) et RP>1 (surcharge massif) ;
- Indice Corporel Relatif(ICR) : rapport entre la longueur totale (LT) et le pourtour thoracique (PT) d'après Nicks et al, (2006). Cet indice donne une évaluation des proportions de la race et permet de classer les animaux en : longiligne (ICR≥0,90), médioligne (0,84≤ICR≤0,89) et bréviligne (ICR≤0,83).

Equations de prédiction du poids vif

Les équations barymétriques ont été établies par la régression du poids vif sur les différentes mensurations corporelles et les indices biométriques.

Analyses statistiques

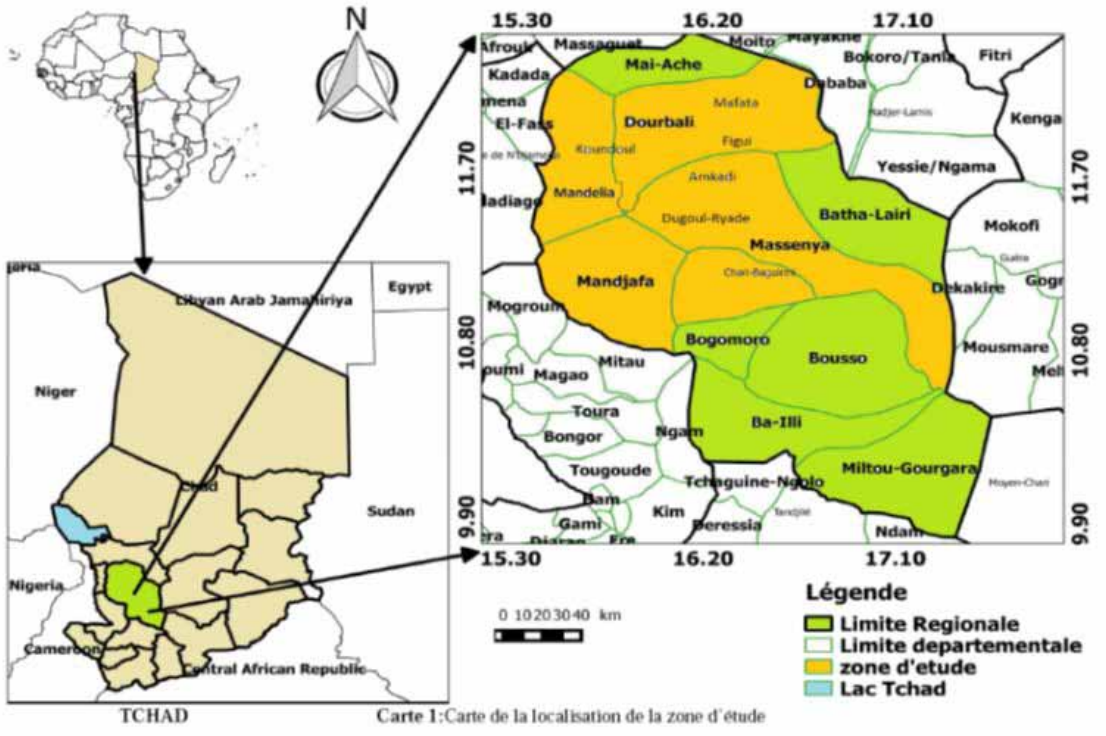
La statistique descriptive a été utilisée pour décrire les caractéristiques morphobiométriques. La couleur de la robe est présentée sous forme de pourcentage et les mensurations sous forme de moyenne plus ou moins écart type. L'analyse de la variance (ANOVA) a été utilisée pour tester l'influence des facteurs (âge, sexe, robe, activité et département) sur les mensurations corporelles et les indices biométriques. Tous les autres facteurs et les interactions n'ayant pas été significatifs, seul le facteur département a été retenu, d'où le model de l'ANOVA est le suivant : $y_ij = \mu + \alpha_i + e_{ij}$

μ : Moyenne de la population ;

α_i : Effet des départements ;

e_{ij} : Effet résiduel aléatoire.

Le test de Duncan a été utilisé pour la séparation des moyennes pour les facteurs significatifs. Le sens et le degré d'association entre les mensurations corporelles et les indices biométriques ont été évalués au moyen des coefficients de corrélation de Pearson. Pour évaluer les causes de la biodiversité génétiques



Source : (INSEED, 2008)

Figure 1 : Localisation de la zone d'étude

de la population des ânes étudiés, l'analyse en composantes principales (ACP) a été utilisée. L'analyse factorielle discriminante (AFD) sur la base de 16 mensurations corporelles a permis d'identifier les types génétiques constituant la population étudiée (FAO, 2013). La construction de l'arbre phylogénétique (dendrogramme) suivant le protocole de classification ascendante hiérarchisée (CAH) a permis d'établir les relations génétiques existantes entre les types génétiques (Carpentier 2007). L'ensemble de ces différentes analyses statistiques a été réalisé à l'aide des logiciels SPSS 20.0 et XLSTAT 2014.

Résultats

Morphologie et Mensurations corporelles des ânes

Les principales couleurs de la robe enregistrées (figure 3) suggèrent une importante diversité colorée chez les ânes de la région d'étude. Quelque soit le département les robes souris et grise sont les plus représentées, alors que la robe blanche, brune et noire sont les moins présentes. Seule la hauteur à la croupe est significativement influencée par les localités ($P<0,05$). Les ânes de Bokoro ont la hauteur à la croupe de 106,18±0,41 cm significativement plus élevée que ceux de Massaguet avec en moyenne 104,82± 0,43 cm. La hauteur moyenne au garrot a une moyenne de 102,35±0,23 cm et un coefficient de variation de 4,47%. La hauteur moyenne de l poitrine est de 40,44±0,24 cm avec un coefficient de variation de 4,60%. La longueur moyenne totale du corps quant à elle une moyenne de 109,32±0,30 cm et un coefficient de variation de 15,05%. Les longueurs de la tête et de l'encolure entre les départements ont des moyennes générales respectives de 43,72±0,16 cm et de 46,18±0,19 cm. Les moyennes de la longueur de l'épaule, de la longueur de du canon et de tour du canon ont respectivement les moyennes générales et coefficients de variation de 43,86±0,15 cm et de 0,59% ; de 12,56±0,04 cm et 6,92% ; de 17,17±1,05 cm et de 5,94%. La moyenne du tour du canon postérieur est de

18,51±0,04 cm avec un coefficient de variation de 4,64%. Le pourtour thoracique moyen est de 113,33±0,25 cm avec un coefficient de variation de 0,39% et comparable entre les départements (P>0,05). La longueur moyenne de la queue est de 56,39±0,24 cm, comparable entre les départements (P>0,05). Les longueurs moyennes de l'oreille, de la largeur de la poitrine et du vide sous sternal sont de 24,92±0,06 cm, 18,36±0,06 cm, 54,16±0,29. La moyenne de la largeur de la hache est de 36,60±0,25 cm avec un coefficient de variation de 0,68%. Pour ce qui est du Poids vif des ânes, la moyenne des ânes adultes est de 171,21 ± 21,45 kg avec un coefficient de variation de 16,62%. Le tableau 2 illustre les corrélations entre les mensurations corporelles des ânes. Il ressort du tableau 2 que les mensurations sont significativement (P < 0,01) corrélées entre elles. Toute fois, apparaît que onze (11) corrélations sont significatives et positives (P <0,01) et une (1) est significative et négative (P < 0,01) (VSS et PV). A cet effet, tout programme de sélection des ânes de Hadjer-Lamis, devra tenir compte de ces sens et degré d'association entre les mensurations.

Equations barymétriques des ânes

Il a été obtenu diverses formes d'équations de prédiction du poids vif des ânes en fonction de certaines mensurations corporelles (tableau 3). Il ressort de nos analyses que pour tous les types d'équations de prédictions, seule l'équation du type polynômial (PV= 1365 – 27,40HG + 0,153HG2) a donné le coefficient de détermination le plus élevé (R2=0,56).

Indices biométriques des ânes

Indice Corporel de profil (ICP), Indice Dactylo Thoracique(IDT) et Indice de compacité (Icom) n'ont pas été influencés (P>0,05) par le département. Les moyennes des indices ICP, IDT et Icom dans les départements sont respectivement de 0,93±0,00, 0,15±0,00 et 1,66±0,01. Les indices suggèrent que les ânes sont longilignes (ICP<1), hypermétriques (IDT) et ont un surcharge massif (Icom>1).

Tableau 1: Effectifs des ânes en fonction des sexes et des localités.

Localités	Effectifs					
	Mâles		Femelles		Total	
	N	%	N	%	N	%
Amkadi	8	07,92	19	13,20	27	11,02
Dourbali	20	19,80	15	10,42	35	14,30
Dugoul-Ryade	10	09,90	20	13,89	30	12,24
Figui	04	03,96	25	17,36	29	11,83
Koundoul	15	14,85	14	09,72	29	11,83
Kournari	16	15,84	8	5,55	24	09,80
Mafata	13	12,87	27	18,75	40	16,33
Mandelia	15	14,85	16	11,11	31	12,65
Total	**101**	**100,00**	**144**	**100,00**	**245**	**100,00**

N = nombre ; % = pourcent

Indice de la hauteur pectorale (IHP), Hauteur Devant- Derrière (HDD) et Rapport corporel (RP)

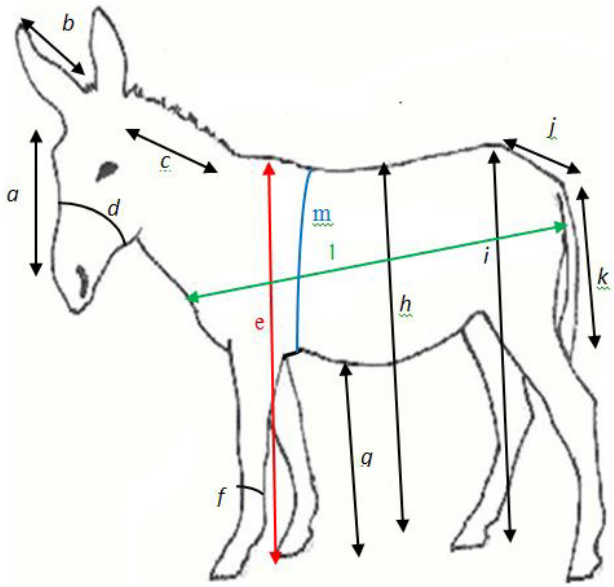
Les indices IHP, HDD et RP entre les départements sont en moyenne 0,92±0,92 ; 0,96±0,02 et 1,10±0,03 respectivement. Les ânes sont courts sur pattes (IHP>56), avec un dos rectiligne (HHD≤1) et ayant des aptitudes bouchères (RP>1).

Indice corporel relatif (ICR)

Cet indice n'a pas été influencé par le facteur département (P>0,05). Entre les départements, la moyenne de l'ICR est de

0,96±0,02 cm et un coefficient de variation de 2,08%. Cet indice confirme encore que les ânes sont longilignes (ICR≥0,90). L'analyse des coefficients de corrélation entre les indices biométriques des ânes (tableau 4) montre que, les indices biométriques des ânes sont corrélés soit négativement, soit positivement (P<0,01). Une corrélation significative et positive (P<0,01) le plus élevée est enregistrée entre HDD et ICP (0,680) et une corrélation significative et négative (P<0,01) plus élevée entre ICP et RP (-0,665).

Variabilité génétique, structure et relations génétiques entre les populations des ânes



Légende

a. LT : Longueur de la tête
b. LO : Longueur de l'oreille
c. LC : Longueur du cou
d. CT : Circonférence de la tête
e. HG : Hauteur au garrot
f. CC : Circonférence du canon
g. PrfT: Profondeur du thorax
h. HD : Hauteur au dos
i. HS : Hauteur au sacrum
j. LS : Longueur du sacrum
k. LQ : Longueur de la queue
l. LSI : Longueur scapulo-ischiale
m. PrT: Périmètre du thorax

Source : Adaptée de Lhoste (2010)
Figure 2 : Mensurations prises sur les ânes

Tableau 2 : Répartition des robes des ânes dans la Région du Chari-Baguirmi

Robe	Effectifs	Pourcentage
Alezan	5	2,04
Baie	27	11,02
Blanc	6	2,45
Bordeaux	2	0,82
Cendré	7	2,85
Gris	146	59,59
Noire	15	6,12
Pie-gris	1	0,41
Pie-noire	1	0,41
Pie-rouge	1	0,41
Rouan	21	8,57
Souris	13	5,31
Total	**245**	**100,00**



Figure 3 : Diversité de couleur de la robe des ânes du Chari-Baguirmi

Les mensurations corporelles (16) ont été soumises à l'analyse en composantes principales (ACP). Il en ressort (tableau 5) que les 12 premières composantes permettent d'expliquer à 96,27 % de la variabilité observée au sein de la population étudiée. Toutefois, il faut noter que les trois premières composantes (Hauteur au garrot, hauteur à la croupe et hauteur de la poitrine) contribuent pour 56,24 % de la variance observée au sein de notre échantillon à raison de 37,28%, 9,56% et 9,39% respectivement. A titre explicatif, nous allons donc poursuivre les analyses en utilisant la première composante et la troisième composantes. L'Analyse Factorielle Discriminante (AFD) a permis de montrer que la population est constituée de cinq (5) types génétiques. Il ressort de la représentation (figure) 4 que les caractéristiques biométriques des cinq types génétiques observées dans la population sont les suivantes : le type génétique 2 a des caractéristiques les plus élevées, suivi respectivement de type 4, type 5, type 1 et les caractéristiques les plus faibles sont observées dans le type 3. Les différences observées peuvent être soit dues aux différents facteurs d'ordre endogènes d'une part (espèces, race, souche etc.) et d'ordre exogènes d'autre part (climat, disponibilité en fourrage, conduite de l'élevage, échantillonnage etc.).

Les relations (figure 5) qui existent entre les types génétiques des ânes dans la zone de Hadjer-Lamais sont riches d'informations. Tout en confirmant la structure de la population, l'arbre phylogénétique a permis d'établir les relations qui existent entre les types génétiques. Ainsi les types génétiques 1 et 5 sont plus rapprochés et distant des types génétiques 2, 3 et 4. Ce rapprochement serait probablement lié à la ressemblance des caractéristiques qui sont communes et qui les éloignent des autres types. A cet effet, la population serait constituée de 4 sous groupes avec un sous groupe composé des types génétiques 1 et 5, le 2ème constitué du type génétique 2 uniquement, 3eme du type génétique 3 et 4eme du type génétique 4.

Tableau 3 : Moyenne, écart-type et coefficient de variation de la Hauteur au Garrot, du Périmètre Thoracique et de la Longueur Scapulo-Ischiale en fonction de la localité.

	Hauteur au Garrot (cm)		Périmètre Thoracique (cm)		Longueur Scapulo-Ischiale (cm)		Poids Vifs (Kg)	
	χ ± E. S	CV	χ ± E. S	CV	χ ± E. S	CV	χ ± E. S	CV
Amkadi	95,67±1,31^{ab}	7,09	103,89±2,88^{a}	14,41	97,96±2,17^{a}	11,50	124,76 ± 7,57^{abc}	31,54
Dourbali	92,29±1,43^{a}	9,19	102,37±2,14^{a}	12,37	97,23±2,06^{a}	12,54	118,12 ± 6,22^{ab}	31,13
Dugoul-Ryade	92,53±1,43^{a}	8,48	102,43±2,38^{a}	12,74	95,23±2,27^{a}	13,05	114,33 ± 6,86^{a}	32,85
Figui	96,86±1,06^{b}	5,87	106,97±2,50^{a}	12,58	99,83± 1,61^{abc}	8,69	134,18 ± 5,58^{bcde}	22,40
Koundoul	95,66±0,75^{ab}	4,25	106,45± 0,92^{a}	4,65	103,21±1,15^{bc}	6,03	138,56 ± 3,14^{cde}	12,20
Kournari	98,42±0,66^{bc}	3,31	108,17± 0,79^{a}	3,57	103,83±0,98^{c}	4,63	142,73 ± 3,26^{de}	11,19
Mafata	95,08±1,12^{ab}	7,47	105,80±1,92^{a}	11,46	99,33±1,91^{abc}	12,20	126,78 ± 5,40^{abcd}	26,94
Mandelia	101,35±0,95^{c}	5,20	108,55± 0,99^{a}	5,08	103,26±0,99^{ac}	5,36	148,82 ± 4,00^{e}	14,96
Moyennes	95,83±0,44	7,25	105,48±0,71	10,55	99,83±0,65	10,19	130,42 ± 2,08	24,91

a, b, c : les moyennes affectées de la même lettre dans les mêmes colonnes ne diffèrent pas significativement au seuil de 5% entre les localités. χ ± E. S : Moyenne ± Erreur Standard; CV : Coefficient de Variation (%).

Tableau 4 : Formes et équations de prédiction de poids vif et coefficients de déterminations en fonction des mensurations.

Variables	Formes d'équation	Equations	R^2
L S I	Linéaire	PV = 2,90(L S I) - 160,2	0,77
	Exponentielle	PV = 5,77e0, 03(L S I)	0,80
	Logarithmique	PV = 26,6ln (L S I) - 105,9	0,76
	Polynomiale	PV = 0,007(L S I)2 + 1,58(L S I) -100,4	0,77
	Puissance	PV = 0,001(L S I) 2,792	0,82
PrT	Linéaire	PV = 2,28(Pr T) - 109,6	0,76
	Exponentielle	PV = 9,66e0, 024(Pr T)	0,80
	Logarithmique	PV = 188,7ln (Pr T) -746,4	0,70
	Polynomiale	PV = 0,031(Pr T)2 - 3,42(Pr T) + 136,5	0,83
	Puissance	PV = 0,009(Pr T) 2,041	0,75
HG	Linéaire	PV = 4,04(Ht G) - 256,8	0,69
	Exponentielle	PV = 2,18e0, 04(Ht G)	0,70
	Logarithmique	PV = 364,4ln (Ht G) - 153,2	0,69
	Polynomiale	PV = 0,008(Ht G)2 + 5,63(Ht G) - 329,1	0,70
	Puissance	PV = 0,006(Ht G) 3,869	0,72

PV : poids Vif, L S I : longueur scapulo-ischiale, Pr T : périmètre thoracique, HG : hauteur au garrot, R2 : coefficient de détermination

Discussion

Les robes des ânes observées étaient représentées dans tous les départements de la région d'étude. Aussi, il n'y a pas de différence significative dans les fréquences d'apparition des couleurs de robe entre les départements. La grande diversité des couleurs serait due à la migration des ânes à travers le contient. Mais de toutes ces robes observées, les ânes de robes souris (36%) et grise (35%) étaient les plus nombreux de Hadjer-Lamis. Ces couleurs représentées massivement pourraient être dues à la prépondérance dans les populations locales des ânes ayant des origines ancestrales en Nubie ou venant de la Somalie. En effet, ces robes observées correspondent à celles décrites par Raveneau et Daveze (1997) concernant Equus asinus nubicus ou Equus asinus africanus (ânes sauvages d'Afrique) qui proviennent de la corne d'Afrique au nord du Soudan. Selon ces auteurs, ce sont des animaux présentant une bande noire au niveau de la région de l'épaule et des nuances de blanc autour des narines, les régions ventrales et la partie interne des jambes. Parmi tous les paramètres biométriques étudiés en fonction des départements, seules la valeur moyenne de la hauteur à la croupe a présentée une différence significative ($P<0,05$) entre les départements. Cette variation significative serait due au fait que les systèmes d'élevage des ânes dans la région de Hadjer-Lamis ne sont pas comparables ou du fait des erreurs aléatoire. En effet, nous avons considéré les animaux de classe d'âge adulte (au mois trois ans) et l'effet de sexe, couleurs et l'utilisation n'ont pas étaient significatifs. La valeur moyenne de la hauteur à la croupe de notre étude corrobore avec à ceux de Kefena et al, (2011) ; Folch et Jordana (1997). Les autres paramètres biométriques étudiés en fonction de département n'ont pas révélées de différence significative ($P>0,05$). Ces résultats peuvent se justifiés du fait que les conditions de l'environnement (disponibilité en fourrages par exemple) serait identique entre les départements. Toute fois, la valeur moyenne de la hauteur au garrot est relativement élevée que celle enregistrée par Ebangi et Vall (2005) au Cameroun. Ces résultats infirment ceux de (Barzev, 2004 ; Ebangi et Vall, 2005). Le pourtour

thoracique était relativement élevé dans notre étude que ceux enregistrés par Ebangi et Vall (2005) chez les ânes du Nord Cameroun, de Roamba (2014) au Sénégal et de Salifou (2014) au Burkina Faso. La hauteur de la poitrine générale semblait plus faible que ceux rapportés par Barzev (2004) chez les ânes de Bulgarie. La longueur du corps enregistrée dans notre étude ne corrobore pas avec ceux de Pearson et Ouassat (1996) chez les ânes de Maroc et ceux d'Ebangi et Vall (2005) chez les ânes du nord Cameroun. Les résultats de cette étude semblaient être plus élevés que les résultats rapportés par Roamba (2014) au Sénégal et Salifou (2014) au Burkina Faso. Kefena et al, (2011) ont rapporté une valeur plus élevée de la longueur de l'encolure par rapport à celle de notre étude. Nos résultats semblaient être plus élevés que celles obtenues sur les ânes de type abyssinien. La longueur du canon est de 12,56±0,874cm chez ânes étudiés avec un coefficient de variation de 6,92%. Les valeurs du pourtour du canon obtenues chez les ânes de race Catalane en Espagne par Folch et Jordana, (1997) confirment nos résultats. La valeur de la longueur de l'oreille se rapproche de celle obtenue par Salifou (2014) au Burkina Faso. Toutefois, elle demeure inférieure à celles enregistrées par Roamba (2014) au Sénégal, Folch et Jordana(1997) chez les ânes Catalan (Espagne). Kefena et al, (2011) ont trouvé des valeurs de la longueur de la tête chez les races Afar et Omo en Ethiopie qui corroborent avec nos résultats). Cependant, nos résultats sont élevés que ceux obtenus avec la race Catalane (Folch et Jordana, 1997). La largeur de la poitrine était plus faible que celles enregistrées chez les ânes Abyssinienne en Ethiopie par Kefena et al, (2011), de celle de la race Hararghe, Ogaden et Sinnar en Ethiopie par Kefena et al, (2011). Le poids vif n'a pas été influencé par les départements (P>0,05). Cette non influence peut être due au fait que nous avons considéré les animaux adultes et à l'âge adulte le poids de l'animal varie peut. Les études d'Ebangi et Vall (1998) avaient conduit aux résultats différents. Ces auteurs ont démontré chez les ânes de trait dans la zone soudano-sahélienne du Cameroun que la valeur du poids vif varie en fonction du sexe et de l'âge. L'étude des modèles de régression linéaires a révélé une corrélation positive élevée entre le poids vif et la hauteur au garrot, la longueur du corps, la hauteur à la croupe et pourtour thoracique. Il y a eu une forte corrélation entre le poids vif et la hauteur au garrot au détriment des autres paramètres biométriques. Pearson et Ouassat (1996) ; Nengomasha et al, (1997) ont trouvé une corrélation élevé entre le poids vif et le pourtour thoracique. Ce qui corrobore avec nos résultats. Cependant ce coefficient de corrélation était comparable à celui obtenu par ces auteurs. Un coefficient de corrélation élevé entre la hauteur au garrot et la hauteur à la croupe a été obtenu par Nicks et al, (2006) chez les chevaux ce qui corroborent avec nos résultats. La relation entre le poids vif et la hauteur au garrot est mieux élucidé par l'équation polynômiale avec le coefficient de détermination (R2) élevé. Le choix de ce paramètre pour la détermination du poids vif se justifie par le fait qu'il varie peu contrairement à certaines variables telles que la circonférence et la longueur du tronc qui peuvent augmenter lorsque l'animal présente un abdomen distendu suite à une gestation ou une suralimentation. Pearson et Ouassat (1996) confirme cette assertion et suggèrent l'utilisation des paramètres tels que pourtour thoracique, hauteur au garrot. Tout de même, il s'avère difficile d'utiliser la hauteur au garrot et la longueur du cou à l'âge adulte car ils restent constants selon ces mêmes auteurs. Ces résultats ne corroborent pas avec ceux rapportés par Folch et Jordana (1997) chez les ânes de Catalan. Une analyse de la régression linéaire a permis d'obtenir une équation de prédiction du poids vif avec la hauteur au garrot dont le coefficient de détermination élevé. La hauteur au garrot serait un bon critère de prédiction du poids vif chez les ânes, indépendamment des modèles de régression. Le coefficient de corrélation enregistré ne corrobore pas avec ceux obtenus par Nengomasha et al, (1997) ; Pearson et Ouassat (1996) ; Pearson et Ouassat (2001). L'ensemble de ces indices biométriques étudiés n'ont pas été influencés par les départements (P>0,05).

L'Indice Corporel de Profil (ICP) permettait de classer les ânes parmi les animaux dits longilignes. Ces résultats corroborent avec ceux de Folch et Jordana (1997) mais en semble pas être en désaccord avec les résultats obtenu chez les chevaux Arabe Barbe et Barbe (Chabchoub et al, 2004). L'Indice dactylo thoracique (IDT) a situé les ânes étudiés parmi les animaux dits Hypermétriques. Ces résultats obtenus sont comparables à ceux obtenus chez les chevaux de trait Cabral et al, (2004) et Folch et Jordana (1997). L'Indice de compacité (Icom) explique que la masse corporelle de l'âne étudié est supérieure à sa taille, autrement dit l'animal supporte mal son poids. Ces résultats corroborent à ceux rapportés par ces auteurs (Mariante, et al, 2002). L'indice de la hauteur pectorale (IHP) indiquait que les ânes sont courts sur pattes. La hauteur devant-derrière (HDD) suggère que les ânes de Hadjer-Lamis ont une région postérieure plus élevée que la région antérieure. Ces résultats ne corroborent pas avec ceux de Folch et Jordana (1997) qui ont trouvé que la race Catalane est bien équilibrée (proportionnée) d'où la hauteur au garrot et la hauteur à la croupe sont égales. Le rapport corporel (RP) a confirmé que les ânes ont un surcharge corporel (masse) ; bon indicateur pour les aptitudes bouchères. Cette caractéristique est rencontrée chez les chevaux de selle aux allures rapides (Marcenac et al, 1980 et Mariante et al, 2002). L'Indice corporel relative (ICR) confirme que les ânes longilignes. Ces résultats corroborent avec ceux de Folch et Jordana (1997) mais en semble pas être en désaccord avec les résultats obtenu chez les chevaux Arabe Barbe et Barbe (Chabchoub et al, 2004). Trois composantes principales à savoir 1, 2 et 3 premières composantes repensent presque la totalité de l'échantillon soit 56,24%. Par la suite, l'ACP a révélée une hétérogénéité du point vu morphobiométrique de la population des ânes de Hadjer-Lamis. Le résultat de l'analyse factorielle discriminante (AFD) à permis de dire qu'il ya au sein de cette population des ânes de Hadjer-Lamis cinq types génétiques. Cette hétérogénéité peut être due aux brassages génétiques entre différentes populations en raison du mouvement des populations du cheptel asin. Cette zone est le carrefour de la transhumance des pasteurs.

Conclusion

Cette étude a permis de mettre en évidence une diversité morphobiométrique au sein de cette population d'ânes de Hadjer-Lamis. Toutefois, il serait intéressant d'élargir l'étude de la biodiversité sur l'étendue du territoire national du Tchad. Il est envisager de compléter l'inventaire et le suivi des ressources asines du Tchad à partir des critères qualitatifs et zootechniques ; Identifier les prédicateurs multiples du poids vif dans différentes catégories d'âges des ânes ; il s'agira d'approfondir la barymétrie chez les ânes du Tchad ; Caractériser les ânes grâce à l'outil moléculaire afin d'avoir un aperçu sur la diversité génétique.

Références

Barzev G, 2004. Department of Horse breeding, Agrarian Faculty, The Thracian University, 6000 Stara Zagora, Bulgaria in: Starkey P and Fielding D (eds), Donkeys, people and development. A resource book of the Animal Traction Network for Eastern and Southern Africa (ATNESA). ACP-EU Technical Centre for Agricultural and Rural Cooperation (CTA), Wageningen, The Netherlands. 244p.

Cabral GC, Almeida FQ, Quirino CR, 2004. Morphometric evaluation of Mangalarga Marchador horse: conformation index and body proportions. Rev. Bras. Zootec, 33:989-1000.

Carpentier FG, 2007. Introductions aux analyses multidimensionnelles. 135p.

Chabchoub A, Landolsi F, Jari Y, 2004. Etude des paramètres morphologiques des chevaux Barbes de Tunisie. Revue Méd.Vét., 155: 31-37

Ebangi AL, Vall E, 1998. Phenotypic characterization of draft donkeys within the Sudano-Sahelian zone of Cameroon. Revue Elev.Méd. vét. Pays trop., 51: 327-334

Ebangi AL, Vall E, 2005. Dry Season Effect on Live Weight and some Body Dimensions of Working

Donkeys in the Sudano-sahel Region of Cameroon. Tropicultura 23(1) : 48-64

FAO, 2008. L'état des ressources zoo génétiques pour l'alimentation et agriculture dans le monde. pp 320 - 350.

FAO, 2013.Caractérisation phénotypiques des ressources génétiques animales. Directives

FAO sur la production et la santé animale. N° 11. Rome. 152p.

Folch P, Jordana J, 1997. Characterization, references ranges and the influence of gender on morphological parameters of endangered Catalonian donkey breed. Journal of Equine Veterinary Science, 17, (2): 102-111.

Ivankovic A, Caput P, Mioc B, Pavic V, 2000. The phenotype features of donkeys in Croatia. ACS, Agric. conspec. sci. 65 (2): 99-105.

Kefena E, Beja-Pereira A, Han JL, Haile A, Mohammed YK, Dessie T, 2011. Eco-geographical structuring and morphological diversities in Ethiopian donkey populations. Livestock Science 141: 232-241.

Lauvergne JJ, 2006. Inventaire des ressources génétiques caprines dans un pays d'Afrique à l'aide de différents marqueurs et indices. Synthèse méthodologique, INA- PG, Clamart, 5p.

Marcenac LN, Aublet H, D'autheville P, 1980. Etude com-parative des régions proportions – compensations hippométrie. In : Maloines.a. (éd.) : Encyclopédie du cheval, Paris, France, pp 195-212

Mariante A, Da S, Miserani MG, Mcmanus C, Santos SA, De Abreu UGP, Da Silva JA, 2002. Body indexes for the Pantaneiro Horse.Proc.7thWorld Congr. Genet.Appl.Livest. Prod., 2002, 30, pp 431-434.

Marshall K, Zahra A, 2000. Gender issues in donkey use in rural Ethiopia. pp. 64-70

MMDA(Miniature Mediterranean Donkey Association), 2011. U of K. J.Vet. Med. &Anim. prod. Vol. 2 (2), 2011. pp (65-89)

Nengomasha EM, Jele N, Pearson RA, 1997. Morphological characteristics of working donkeys in south–western Zimbabwe. Animal Traction Network for Eastern and Southern Africa. Report of the international ATNESA workshop held 5-9 May 1997, Debre Zeit, Ethiopia.

Nicks B, Delfontaine B, Ca-Nart B, Vanderbruggen J, Vandenheede M, 2006.Caractéristiques morphologiques des juments de Trait belge. Ann. Méd.Vét., 150 : 247-251.

Olivier H, 2008. Mahomet aux sources de l'Islam. B. Giovanangeli,□ 173p.

Ouedraogo T, Tisserand JL, 1996. Etude comparative de la valorisation des fourrages pauvres chez l'âne et le mouton. Ingestibilité et digestibilité. Annales de zootechnie, 45, pp 437-444.

Oxfam, 2010. Profil des moyens d'existence zone agropastorale avec maraîchage de contre

saison. Département du Bahr El-Gazal Sud (Tchad). 30p.

Pearson RA, Ouassat M, 1996. Estimation of the live weight and Body Condition of Working Donkeys in Morocco.Veterinary Record.154: pp 85-88

Pearson RA, Ouassat M, 2001. A guide to live weight estimation and body conditions scoring of donkeys. Edinburgh, UK, CTVM, 21p.

Piccione G, Fazio F, Caola G, Refinetti R, 2008. Daily rhythmicity in nutrient content of asinine milk. Livestock Science, 116: 323–327.

PNDE, 2009. Plan nationale de développement de l'élevage. 84p.

Rabier L, 2012. L'alimentation de l'âne et ses relations avec les maladies asines. Thèse doctorat vétérinaire Toulouse-3-4039.p 151

Raveneau A, Daveze J, 1996. Le livre de l'âne, son histoire, sa famille, son éducation, toute sa vie. Rustica Editions. pp 128.

Roamba RC, 2014. Caractérisation morphobiométrique et biochimique des asins (Equus asinus) du Sénégal. Thèse présentée en vue de l'obtention du diplôme de Docteur Vétérinaire, Ecole Inter-Etats des Sciences et Médecine Vétérinaire (EISMV), Université Cheikth Anta Diop de Dakar. 86p.

Salifou, K., 2014. Caractérisation morphobiométrique et biochimique des asins (Equus asinus) du Burkina faso. Thèse présentée en vue de l'obtention du diplôme de Docteur Vétérinaire, Ecole Inter-Etats des Sciences et Médecine Vétérinaire (EISMV), Université Cheikth Anta Diop de Dakar. 89p.

Siméon V., 2008. Anes & Mulets - Découverte et techniques d'entretien et de dressage. De Vecchi. Pp. 52-192.

Youssouf O.K. et Babiker S.A., 1989. The desert camel as meat animals. Meat Science, 26. pp 245-254.

DIVERSITÉ PHÉNOTYPIQUE DE L'ÂNE DOMESTIQUE (EQUUS AFRICANUS ASINUS) DANS LA RÉGION DES HAUTES TERRES DU NORD OUEST CAMEROUN

Defeu M, Meutchieye F, Manjeli Y
Département des Productions Animales, Faculté d'Agronomie et des Sciences Agricoles,
Université de Dschang-Cameroun

Résumé

L'objectif général du travail était de contribuer à une meilleure connaissance de la diversité des ânes en vue de son exploitation rationnelle et plus spécifiquement, d'évaluer la variabilité morphobiométrique et d'en déduire la structure et les relations phylogénétique des ânes dans la région. A cet effet, un échantillon de 174 ânes adultes (96 mâles et 78 femelles) a été observé dans 7 localités. Les résultats montrent que sur le plan phanéroptique, la robe grise est dominante (86,2%) et la robe baie brûlé moins représentée (0,5%). Les mensurations corporelles et leur moyenne ont été la hauteur au garrot (HG) 99,73±3,57 cm, le pourtour thoracique (PT) 108,66±5,08 cm, la largeur de la poitrine 25,85±2,62 cm, la profondeur de la poitrine 48,80±3,97 cm, la longueur du corps(LC) 110,07±6,06 cm, la hauteur à la croupe 103,28±3,91 cm, le pourtour du canon 14,95±1,85 cm, le poids vif (PV) est de 128,68 ± 17,07 kg. Les corrélations sont significatives (P<0,01), positives et presque parfaites entre le PV et le PT (r=0,99). L'équation de prédiction du poids vif PV=2,34PT-233,89 semble être la meilleure, car elle est simple et son coefficient de détermination est élevé (R2=0,99). Les indices corporel de profil et relatif sont respectivement de 0,91±0,04 et 1,01±0,05 et permettent de classer les ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun comme longilignes. L'indice dactylo-thoracique est de 0,14±0,04 et suggère que les ânes sont de type hypermétrique. Le PV et la LC contribuent à 59,76% à la variabilité génétique au sein de la population. L'analyse factorielle discriminante montre que la population est constituée de 3 types génétiques A, B et C. L'arbre phylogénétique révèle que les types génétique A et C sont génétiquement plus reproche et plus distant du type génétique B. La variabilité observée suggère des possibilités d'amélioration génétique des ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun.

Mots clés : Asins, Biodiversité, phénotype, indice biométrique, Cameroun

PHENOTYPIC DIVERSITY OF DOMESTIC DONKEYS (EQUUS AFRICANUS ASINUS) IN NORTHWEST CAMEROON HIGHLANDS

Abstract

The overall aim of this work was to contribute to a better understanding of donkey diversity for rational use and more specifically, to assess morphobiometric variability, and on that basis determine the structure and phylogenetic relationships of donkeys in the region. For this purpose, a sample of 174 adult donkeys (96 males and 78 females) was observed in seven locations. The results show that phaneroptically, gray is dominant (86.2%) while burnt bay is less represented (0.5%). Body measurements and their mean values were as follows: height at withers (WH) 99.73 ± 3.57 cm, chest girth (PT) 108.66 ± 5.08 cm, chest width 25.85 ± 2, 62 cm, chest depth 48.80 ± 3.97 cm, body length (LC) 110.07 ± 6.06 cm, rump height 103.28 ± 3.91 cm, cannon circumference 14.95 ± 1.85 cm, live weight (PV) 128.68 ± 17.07 kg. Correlations were significant (P <0.01), positive and almost perfect between PV and PT (r = 0.99). The body weight prediction equation PV =2,34PT- 233.89 seemed to be the best, because it is simple and its coefficient of determination (R2=0.99) is high. Body profile and relative indices were 0.91 ± 0.04 and 1.01 ± 0.05 respectively, and classify donkeys from Cameroon Northwestern highlands as elongated. The thoracic index was 0.14 ± 0.04 and suggests that donkeys were of the hypermetric type. PV and LC contribute 59.76% to the genetic variability within the population. The discriminant factor analysis shows that the

Corresponding author email : fmeutchieye@gmail.com et defeumodeste@yahoo.fr

population consists of three genetic types: A, B and C. The phylogenetic tree shows that genetic types A and C are genetically closer to each other and farther away from type B. The genetic variability observed suggests possible genetic improvement for donkeys in highlands in Northwest Cameroon.

Keywords: Asin, biodiversity, phenotype, biometric index, Cameroon

Introduction

Le cheptel mondial asin était estimé à 41 millions en 2006 (Kugler et al, 2008) avec plus de 9 millions en Afrique. Il existe 185 races d'ânes reconnues de part le monde (Kugler et al, 2008). L'âne est le plus important des animaux domestiques dans plusieurs pays situés en Afrique du Nord et au Moyen-Orient (Smith et Pearson, 2005). Il est en très grande majorité utilisé pour le travail ; plus de 95 % d'entre des ânes seraient élevés dans ce but (Chappez, 2000). Ils ont la réputation de résister mieux que les zébus dans les régions infestées par la mouche tsé-tsé (Luurt, 2001). Les ânes sont également utilisés pour l'équitation, comme animal de paquetage, pour le transport et comme animal de trait (Tiringo, 2010). De plus, la viande de l'âne peut être considérée comme un produit de grande valeur nutritionnelle caractérisée par un grand taux d'acides gras insaturés spécifiquement le taux d'acides gras polyinsaturés et contient un taux élevé en acides aminés essentiels qui du point de vue de la santé est une bonne alternative pour les viandes rouges (Polidori et al, 2009). Le lait d'ânesse a longtemps été vanté pour sa qualité nutritionnelle et sa similarité au lait maternel (Guo et al, 2007, Tesse et al, 2009). Au Cameroun, la population asine est estimée à plus de 50 mille têtes (INS, 2013) et l'élevage des asins est pratiqué dans presque toutes les régions. Quelques travaux ont été réalisés sur les aspects socioéconomiques des élevages et sur les caractéristiques phénotypiques des ânes (Ebangi et Vall, 1998 et 2005). Cependant, les études sur les caractéristiques morphobiométriques des ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun sont rares. Or d'après Bouchel et al. (1997), la connaissance des caractéristiques morphobiométrique est connue comme étant l'une des stratégies d'analyse des populations domestiques. Ainsi, ce travail vise à apporter notre contribution à l'étude de la biodiversité des ânes sur les hautes terres du Nord-Ouest Cameroun en vue de son amélioration génétique et de sa préservation. Plus spécifiquement, il s'agit d'évaluer la variabilité morphobiométrique et d'en déduire la structure et les relations phylogénétiques des ânes dans la région.

Matériels et méthodes

Zone de l'étude

L'étude s'est déroulée de Septembre à Décembre 2014 sur les hautes terres du Nord-Ouest Cameroun (figure 1) qui s'étend entre les latitudes 5° 45' et 9° 9'N longitudes 9°13' et 11° 13'E.

Matériel animal

Un échantillon de 174 ânes adultes dont 96 mâles et 78 femelles, a été observé. L'échantillon était réparti dans 7 localités du département de Bui. Les critères de choix de ces localités ont porté sur l'existence de l'élevage des ânes et à l'accessibilité à ces localités. Les données ont été collectées uniquement sur les animaux apparemment sains et en bon état physique. Le tableau 1 représente l'échantillon des animaux retenus pour l'étude en fonction de la localité.

Collecte des données

Les informations concernant les caractères morphologiques ont été collectées à l'aide d'une fiche d'enquête adaptée (FAO, 2013). Pour chaque animal, des informations sur la localité, le sexe, la couleur de la robe, et les mensurations corporelles. L'âge des animaux donné par les éleveurs a été complété par l'observation de la dentition (Daveze et Raveneau, 2002). La couleur de la robe a été identifiée par observation directe à la lumière du jour.

Principales mensurations

Les mensurations corporelles (figure 2) ont été obtenues à l'aide d'un ruban métrique pour la mesure des paramètres se rapportant aux longueurs et aux circonférences et une toise pour les paramètres de hauteur. Le poids vif a été déterminé à partir de l'équation proposée par Ebangi et Vall (1998) : PV= PT 2,826 /4434,7 où PT est le pourtour thoracique.

A partir des différentes mensurations, 8 indices corporels développées chez les chevaux et adaptés sur les ânes (Folch et Jordana, 1997) ont été calculés selon des formules:

- Indice ou Rapport corporel (ICor) : pourtour thoracique (PT)/hauteur au garrot (HG)
- Indice Corporel de Profil (ICP) ou de corpulence : hauteur au garrot (HG)/ longueur du corps (LC)
- Indice de Compacité (IC): poids vif(PV)/ hauteur au garrot(HG);
- Indice Corporel Relatif (ICR): longueur du corps (LC)/ pourtour thoracique (PT)
- Indice Dactylo-Thoracique (IDT): pourtour du canon(PC) / pourtour thoracique (PT)
- Hauteur Devant Derrière (HDD) : hauteur au garrot (HG) / hauteur à la croupe (HC);
- Indice céphalique (ICeph) : largeur de la tête (lt) / longueur de la tête (LT).
- Indice Pelvien (IP) : largeur de la croupe (lcrp) / longueur de la croupe (Lcrp).

Analyses statistiques

La statistique descriptive a été utilisée pour décrire les caractéristiques morphobiométriques. L'analyse de la variance (ANOVA) a été utilisée pour tester l'influence des facteurs (sexe, âge, localités,) sur les différentes mensurations et les indices biométriques. Cependant, les effets sexe, âge n'ayant pas été significatifs, le model utilisé a été le suivant :

$yij = \mu + \alpha i + eij$

Où

μ : moyenne de la population ;

αi : effet fixe de la localité (i variant de 1 à 7);

eij : erreur propre à chaque animal.

Lorsque le facteur localité était significatif, le test de Duncan était utilisé pour séparer les moyennes. Le sens et le degré d'association entre les caractères ont été testés par le coefficient de corrélation de Pearson. Les équations barymétriques ont été établies par la régression du poids vif sur les différentes mensurations. Pour évaluer la variabilité génétique de la population, l'Analyse en Composante Principale (ACP) a été effectuée sur la base des 15 paramètres biométriques pris chez les ânes et du poids vif. L'Analyse factorielle discriminante (AFD) sur la base des 15 mensurations corporelles et du poids vif (FAO, 2013) a été réalisée pour analyser la structure de la population. La construction de l'arbre phylogénétique suivant le protocole de classification ascendante hiérarchique (CAH) a permis d'établir la relation entre les types génétiques. L'ensemble de ces différentes analyses statistiques a été réalisé à l'aide des logiciels SPSS 21.0 et XLSTAT 2014.

Résultats

Caractéristiques morphobiométriques des ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun

Les différentes couleurs des robes (figure 3) et leurs fréquences, observées chez les ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun montrent que la robe grise clair est la plus dominante (44,3%), suivie du gris brun (23,0%), le gris foncé (19,0%), la robe crème (6,3%), noire (4,6%), la robe illisible (2,3%) et la robe baie brûlé (0,5%).

La localité n'a pas significativement influencée ($P>0,05$) la longueur du corps, la longueur des oreilles, la longueur et la largeur de la croupe, la hauteur à la croupe, la hauteur au dos, l'indice pelvien et de la hauteur devant derrière.

Les différents paramètres étudiés ont été en général assez variables (tableau 3). Le poids vif moyen des ânes adultes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun est de 128,68±16,98 kg avec un coefficient de variation de 13%. La hauteur au garrot est en

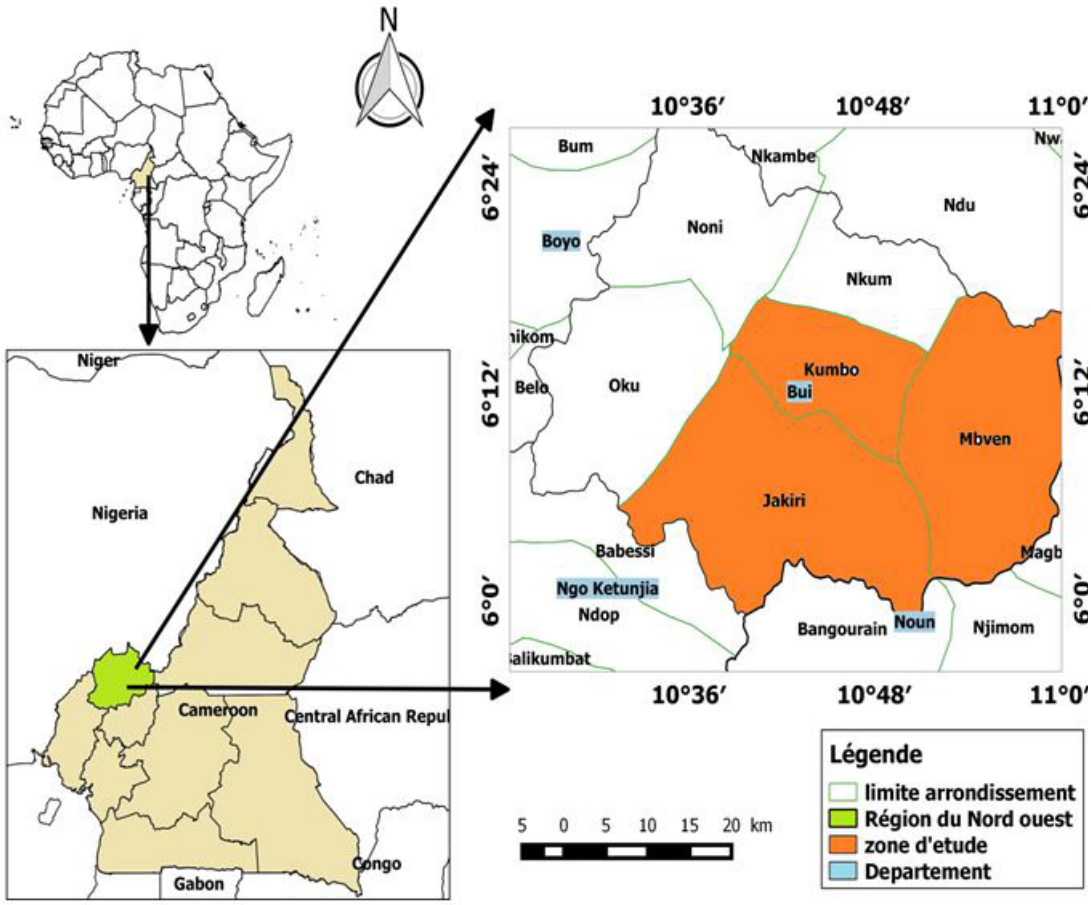
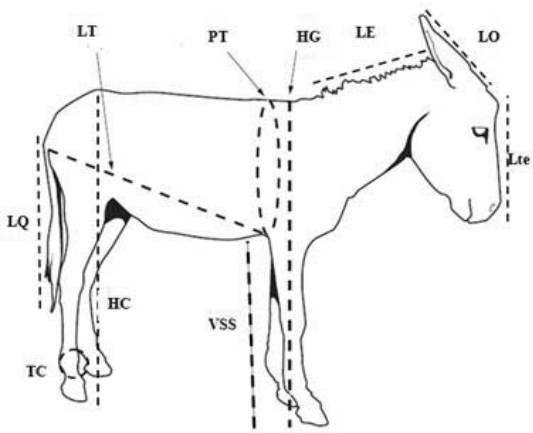


Figure 1 : Localisation de la zone d'étude



Légende

HG : Hauteur au garrot
HC : Hauteur à la croupe
LT : Longueur totale
PT : Pourtour thoracique
VSS : Vide sous-sternal
TCA : Tour du canon antérieur
LCA : Longueur du canon antérieur
TCP : Tour du canon postérieur
LE : Longueur de l'encolure
LTe : Longueur de la tête
Lep : Largeur de l'épaule
LQ : Longueur de la queue
LO : Longueur des oreilles
Laep : Largeur d'épaule
HP : Hauteur de la poitrine
LH : Largeur de la hanche

Source : Rabier (2012)

Figure 2 : Illustration des différents paramètres mesurés

Tableau 1: Effectif des ânes échantillonnés par localité sur les hautes terres du Nord-Ouest Cameroun.

localités	Effectifs	Pourcentage (en %)
Vekovi	21	12,07
Lip	20	11,49
Reeh	30	17,24
Mumyu	22	12,64
Rifem	25	14,37
Njanawa	44	25,29
Mbouluf	12	6,90
Total	**174**	**100,00**

Tableau 2: Répartition des ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun en fonction de la couleur de la robe.

couleur	nombre	Pourcentage
gris clair	77	44,3
gris foncé	33	19,0
gris brun	40	23,0
noir	8	4,6
crème	11	6,3
illisible	4	2,3
baie brûlé	1	0,5
Total	**174**	**100,0**

moyenne de 99,73± 3,59 cm or une population quelconque est estimée de petite taille si cette hauteur ne dépasse pas 100 cm en moyenne. L'indice ou Rapport corporel (ICor) est de 1,09±0,04 indiquant que les ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun sont aptes au travail. L'indice corporel de profil a été de 0,91±0,04 ce qui permet de classer nos ânes comme étant de type longiligne. Cette morphologie est confirmée par l'indice corporel relatif qui est de 1,01±0,05. L'Indice de Compacité (IC) est de 1,29±0,14. L'indice dactylo-thoracique (IDT) est de 0,14±0,02 permettant de classer les ânes comme étant de type hypermétrique. L'indice hauteur devant derrière (HDD) a été de 0,97±0,02 suggérant que ces ânes sont plus hauts postérieurement qu'antérieurement. L'indice céphalique (ICeph), avec une valeur de 0,56±0,04 montre que la population est constituée d'animaux à face dolichocépalique. Enfin l'indice pelvien (IP) est de 0,92±0,04 se situant dans le groupe des animaux à croupe convexe.

Corrélation entre les mensurations corporelles

Il existe une diversité de types de corrélations entre les mensurations corporelles chez les ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun (tableau 4). Il ressort de nos observations que toutes les mensurations prises sont positivement corrélées au seuil de 5 ou 1 % sauf la longueur du cou et la circonférence du cou, la longueur des oreilles et la largeur de la tête (P>0,05). Les coefficients les plus élevés sont obtenus entre le poids vif et le pourtour thoracique (r=0,99), la hauteur au garrot et la hauteur au dos (r=0,88), la hauteur au garrot et la hauteur à la croupe (r=0,82), la hauteur à la croupe et la hauteur au dos (r=0,83) alors que le coefficient le plus faible est obtenu entre la longueur des oreilles et la largeur de la tête (r=0,13).

Tableau 3 : Moyenne, écart-type, coefficient de variation, valeurs minimales et maximales des variables biométriques des ânes des hautes terres du Nord-ouest Cameroun

Variables	N	Min	Max	Moyenne	Ecart type	CV en %
Poids vif	174	87,54	181,64	128,68	16,98	13
Longueur du corps	174	90	125	110,07	6,06	6
Hauteur au garrot	174	89	108,5	99,73	3,59	4
Pourtour thoracique	174	95	123	108,66	5,08	5
Longueur du cou	174	38	54	44,41	3,39	8
Circonférence du cou	174	49	68	59,44	4,39	7
Longueur de la tête	174	34	50	43,75	2,63	6
Largeur de la tête	174	20	27	24,3	1,36	6
Longueur des oreilles	174	22	30	26,19	1,8	7
Profondeur de la poitrine	174	37	59	48,8	3,97	8
Largeur de la poitrine	174	20	33	25,85	2,62	10
Largeur de la croupe	174	24	39	31,09	2,1	7
Longueur de la croupe	174	30	40	33,82	1,78	5
Hauteur à la croupe	174	88	113	103,29	3,92	4
Hauteur au dos	174	89	108	99,12	3,81	4
Pourtour du canon	174	11,5	21	14,95	1,85	12
Indice corporel	174	0,98	1,19	1,09	0,04	4
Indice corporel de profil	174	0,82	1,06	0,91	0,04	5
Indice corporel relatif	174	0,84	1,12	1,01	0,05	5
Indice de compacité	174	0,91	1,76	1,29	0,14	11
Indice dactylo-thoracique	174	0,11	0,19	0,14	0,02	12
Hauteur devant derrière	174	0,9	1,06	0,97	0,02	2
Indice céphalique	174	0,44	0,71	0,56	0,04	7
Indice pelvien	174	0,8	1,05	0,92	0,04	4

Tableau 4 : Corrélations entre les mensurations corporelles chez les ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun

	PV	LC	HG	PT	LCou	CC	LT	lt	LO	PP	LP	lcrp	Lcrp	HC	HD	PC
PV	1															
LC	0,58**	1														
HG	0,64**	0,59**	1													
PT	0,99**	0,59**	0,64**	1												
LCou	0,30**	0,49**	0,52**	0,30**	1											
CC	0,55**	0,31**	0,48**	0,56**	0,15	1										
LT	0,47**	0,41**	0,56**	0,47**	0,43**	0,35**	1									
lt	0,42**	0,37**	0,46**	0,41**	0,27**	0,35**	0,34**	1								
LO	0,36**	0,39**	0,38**	0,37**	0,23**	0,24**	0,23**	0,13	1							
PP	0,45**	0,57**	0,57**	0,45**	0,61**	0,26**	0,45**	0,35**	0,28**	1						
LP	0,48**	0,46**	0,50**	0,49**	0,28**	0,44**	0,30**	0,41**	0,19*	0,37**	1					
lcrp	0,64**	0,48**	0,46**	0,63**	0,26**	0,34**	0,37**	0,27**	0,45**	0,31**	0,34**	1				
Lcrp	0,67**	0,53**	0,53**	0,67**	0,24**	0,40**	0,41**	0,42**	0,41**	0,37**	0,44**	0,78**	1			
HC	0,58**	0,60**	0,82**	0,59**	0,48**	0,36**	0,47**	0,47**	0,37**	0,57**	0,45**	0,44**	0,53**	1		
HD	0,62**	0,57**	0,88**	0,62**	0,53**	0,41**	0,50**	0,48**	0,29**	0,55**	0,46**	0,41**	0,48**	0,83**	1	
PC	0,31**	0,39**	0,54**	0,31**	0,58**	0,32**	0,47**	0,31**	0,17*	0,53**	0,30**	0,25**	0,25**	0,45**	0,51**	1

***P< 0,01.* P< 0,05 (bilatéral)*

HG : hauteur au garrot ; LC : longueur du corps ; PT : pourtour thoracique ; LO : longueur des oreilles; HD : hauteur au dos ; HC : hauteur à la croupe ; LCrp: longueur de la croupe ; lcrp : largeur de la croupe ; LCou : longueur du cou ; PC : pourtour du canon ; CCou : circonférence du cou ; LT : longueur de la tête ; lT : largeur de la tête, Lp : largeur de la poitrine; PP : profondeur de la poitrine ; PV : poids vif.

Tableau 5 : Types d'équation de prédiction de poids en fonction des mensurations corporelles

Types d'équations	Mensurations	Equations	R^2
Linéaire	PT	PV= 3,34 PT-233,89	0,99
	LCrp	PV= 6,39 Lcrp + 87,59	0,45
Exponentielle	PT	PV=7,52e0, 026PT	0,99
	LCrp	PV= 23,73e0,049Lcrp	0,45
Logarithmique	PT	PV = 360,6ln (PT)-1561	0,99
	LCrp	PV= 216,1 LCrp + 632,1	0,45
Puissance	PT	PV = 0,001(PT) 2,826	1
	LCrp	PV= 0,338 LCrp 1,68	0,45
Polynômiale	PT	PV= 0,028PT2+2,760(PT)+96,81	1
	LCrp	PV= 0,15 LCrp2-3,84 LCrp+80,26	0,45

PT: pourtour thoracique ; PV : poids vif ; LCrp : Longueur de la croupe; R2 : Coefficient de détermination

Tableau 6 : Corrélations entre les indices biométriques des ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun.

	ICOR	ICP	ICR	IC	IDT	HDD	Iceph	IP
ICOR	1							
ICP	-0,35**	1						
ICR	-0,44**	-0,70**	1					
IC	0,81**	-0,26**	-0,37**	1				
IDT	-0,40**	0,04	0,27**	-0,18*	1			
HDD	-0,18*	0,26**	-0,11	-0,03	0,08	1		
Iceph	0,02	-0,02	0,01	-0,06	-0,16*	-0,15	1	
IP	0,15	-0,05	-0,05	0,18*	0,02	0,04	-0,16*	1

***.P<0.01.*
**. P>0.05.*
ICOR : Indice ou Rapport corporel ; ICP : Indice Corporel de Profil; HDD : Hauteur Devant Derrière ; IDT : Indice Dactylo-Thoracique; ICR : Indice Corporel Relatif; IC : Indice de Compacité, Iceph: Indice Céphalique, IP: Indice Pelvien.

Equations barymétriques chez les ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun

Différentes formes d'équation de prédiction du poids vif des ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun en fonction des mensurations corporelles ont été construites (tableau 5). Il ressort des observations que l'équation de type linéaire avec le pourtour thoracique à cause de sa simplicité et son coefficient de détermination élevé semble être mieux adaptée pour la prédiction du poids vif avec R^2 compris entre 0,99 et 1. Le pourtour thoracique est un bon prédicteur du poids vif des ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun.

Corrélation entre les indices biométriques

Pour ce qui est des coefficients de corrélation entre les différents indices biométriques chez les ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun, il ressort qu'ils sont très variables, négatifs ou positifs selon les couples d'indice (tableau 6). Le coefficient le plus élevé positivement est obtenu entre l'indice corporel et l'indice de compacité (r=0,81) alors que le plus élevé négativement est obtenu entre l'indice corporel de profil et l'indice corporel relatif (r=-0,70). Un certain nombre de coefficients n'est pas significatif.

Tableau 7 : Valeur propre et variance cumulée des différentes composantes principales à l'analyse de la variabilité observée au sein de la population asine des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun.

Composantes principales (CP)	Variables	Valeur propre	Variance %	Variance cumulée
CP 1	Poids vif (PV)	7,92	49,48	49,48
CP 2	Longueur du corps (LC)	1,64	10,28	59,76
CP 3	Hauteur au garrot (HG)	1,07	6,70	66,46
CP 4	Pourtour du thorax (PT)	0,77	4,81	71,27
CP 5	Longueur du cou (Lcou)	0,71	4,41	75,68
CP 6	Circonférence du cou (CCou)	0,68	4,24	79,92
CP 7	Longueur de la tête (LT)	0,64	4,02	83,94
CP 8	Largeur de la tête (lT)	0,52	3,24	87,18
CP 9	Longueur des oreilles (LO)	0,49	3,06	90,24
CP10	Profondeur de poitrine (PP)	0,38	2,37	92,60
CP11	Largeur de la poitrine (LP)	0,36	2,28	94,88
CP12	Largeur de la croupe (lcrp)	0,35	2,16	97,04
CP13	Longueur de la croupe (LCrp)	0,19	1,19	98,23
CP14	Hauteur à la croupe (HC)	0,17	1,07	99,30
CP15	Hauteur au dos (HD)	0,11	0,68	99,98
CP16	Pourtour du canon (PC)	0,01	0,01	100,00

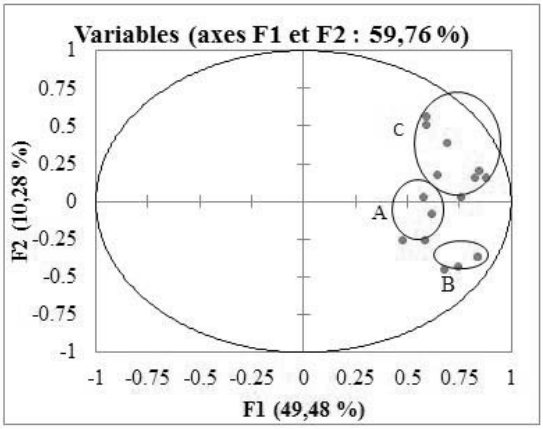
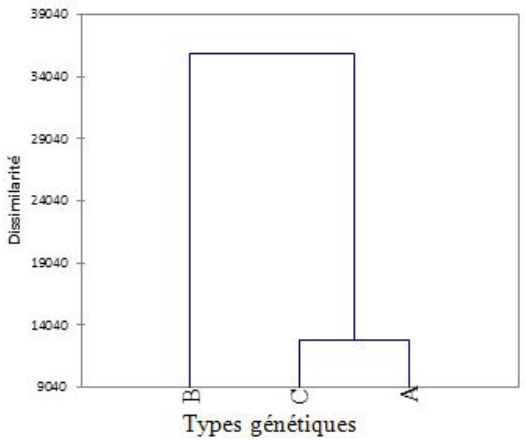


Figure 3: Structure de la population asine du Nord-Ouest Cameroun



A :Type génétique A
B :Type génétique B
C :Type génétique C

Figure 4 : Arbre phylogénétique des types génétiques des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun.

Variabilité génétique de la population

De l'analyse de la contribution de 16 composantes principales à la variabilité génétique observée au sein de la population (tableau 7), il ressort que, les 9 premières composantes permettent d'expliquer à 90,24 % la variabilité observée au sein de la population. Toutefois, il faut noter que les deux premières composantes (poids vif et longueur du corps) contribuent pour 59,76 % de la variance observée au sein de notre échantillon à raison de 49,48 % pour le poids vif et 10,28 % pour la longueur du corps. Pour cette raison, la structure de la population sera effectuée en utilisant ces deux premières composantes.

Structure de la population

L'analyse factorielle discriminante (AFD) a permis de déceler que la population d'étude est constituée de 3 types génétiques notés A, B et C (figure 3). Les valeurs moyennes du Poids vif, de la longueur du corps et de la hauteur au garrot sont respectivement de 134,02, 111,79 et 100,70 pour le type A ; 111,13, 105,80 et 99, 00 pour le type B et enfin de 164,05, 116,00 et 103,61 pour le type C. L'arbre phylogénétique (figure 4), illustre les relations génétiques entre les trois types génétiques des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun. Il apparait que, tout en confirmant la structure de la population, l'arbre phylogénétique a permis d'établir les relations qui existent entre les types génétiques. Ainsi les types génétiques A et C sont plus rapprochés alors que le type génétique B est éloigné.

Discussion

La couleur de la robe prédominante est faite de nuances de gris (86,2%) avec une bande noire sur l'épaule et des nuances de couleur blanche autour des narines, de la région ventrale et la partie interne des pattes. Cette description correspond à celle faite par Raveneau et Daveze (1996) pour Equus asinus nubicus ou Equus asinus africanus qui provient de la corne de l'Afrique au Nord du Soudan. Des observations similaires sur la couleur de la robe ont été faite par plusieurs auteurs (Ebangi et Vall, 1998 ; Papa et Kume, 2012). Le pourtour thoracique (110,07 cm), bien qu'il soit relativement élevé chez l'âne de notre échantillon ne s'éloigne pas énormément de celui enregistré chez les ânes du Nord Cameroun soit 107,53 cm (Ebangi et Vall, 2005). Il en est de même des résultats enregistrés par Roamba (2014) au Sénégal (108,9 cm) et par Salifou (2014) au Burkina Faso (105,1 cm). La profondeur du thorax (48,80 cm) enregistrée dans notre étude est relativement grande que celle enregistrée chez les ânes de type Littoral-Dinaric en Croatie soit 42,03 cm (Ivankovic et al, 2000) et ne s'éloigne pas énormément de celle enregistrée en Albanie soit 46,1 cm (Papa et Kume, 2012). La largeur de la poitrine (25,85 cm) des ânes de notre échantillon bien qu'étant supérieure à celle de la race Abyssinienne (21,97 cm) en Ethiopie (Kefena et al, 2011) et celle du type Littoral-Dinarique en Croatie (Ivankovic et al, 2000) soit (23,11 cm) ne s'éloigne pas de celle de la race Hararghe (25,88 cm), Ogaden (25,24 cm) et Sinnar (24,60 cm) en Ethiopie (Kefena et al, 2011). La largeur de la tête (24,29 cm) est supérieur à celle obtenu par Folch et Jordana (1997) chez l'âne Catalan (23,43 cm) en Espagne. Kefena et al, (2011) ont trouvé des valeurs de la longueur de la tête plus élevées chez les races Afar (45,39cm) et Omo (47,21) en Ethiopie que celles de nos résultats (43,75 cm). Cependant, nos résultats sont élevés que ceux obtenus avec la race Catalane soit 39,36 cm (Folch et Jordana, 1997). Pour la longueur des oreilles (26,21 cm), elle se rapproche de celle obtenu par Roamba (2014) au Sénégal (26,5 cm) et par Salifou (2014) au Burkina Faso (24,6 cm) et sont faibles par rapport à ceux obtenus avec l'âne catalan (33,13 cm) en Espagne (Folch et Jordana, 1997). Roamba (2014) et Salifou (2014) ont trouvé des valeurs de la longueur du corps relativement faibles que celles de nos résultats au Sénégal (105,5 cm) et au Burkina Faso (103,9 cm) respectivement. Par contre, nos résultats sont proches de ceux des ânes du Nord Cameroun (110,19 cm). La longueur du cou (44,41 cm) est plus grande que celle obtenue sur les ânes de type abyssinien (43,33 cm) et plus faible que celle des types Omo (47,21 cm) et Sinnar (47,46 cm) par Kefena et al, (2011). La circonférence moyenne du cou de l'âne local est de 59,44

cm. De telles mensurations n'ont pas encore été mises en évidence. Wilson (1981) rapporte qu'il existe peu de variation physique chez les ânes à travers l'Afrique et qu'ils dépassent rarement 105 cm de hauteur au garrot. Ceci est vérifié avec nos résultats (99,73 cm) qui sont inférieurs à 105 cm. En moyenne, la hauteur au dos des sujets étudiés est de 99,12 cm ce qui est proche de la hauteur au garrot. Ces résultats ne corroborent pas avec ceux de Kefena et al, (2011) qui ont trouvé que les ânes de l'Ethiopie sont plus grands au dos qu'au garrot. Le pourtour du canon (14,95 cm) est supérieur à celui obtenu par Nengomasha (1997) chez les ânes du Zimbabwé (14 cm). Cependant plus faibles que ceux obtenus chez les ânes de race Catalane (18,73 cm) en Espagne (Folch et Jordana, 1997). Ces derniers ont trouvé des valeurs de la longueur de la croupe relativement plus élevées (45,01) que celles de nos résultats (33,82 cm) en Espagne. Kefena et al, (2011) de même que Folch et Jordana (1997) ont trouvé des valeurs de la largeur de la croupe élevées que celles de nos résultats (31,09 cm) respectivement en Ethiopie (33,78 cm) et en Espagne (42,68 cm). La hauteur à la croupe (103,28 cm) est plus grande que celle rapportée par Ivankovic et al, (2000) chez l'âne de type Littoral-Dinarique (99,85 cm) en Croaitie. De même que Kefena et al, (2011) ont obtenu chez l'âne de type Abyssinien des valeurs de la hauteur à la croupe (95,42 cm) faibles que celles de nos résultats. Les résultats obtenus par plusieurs auteurs (Ivankovic et al, 2000 ; Kefena et al, 2011 ; Folch et Jordana, 1997), nous montrent que les ânes sont plus hauts à la croupe qu'au garrot. Ce qui est vérifié avec nos résultats. Salifou (2014) a trouvé des valeurs du poids vif (114,02 kg) faibles au Burkina Faso que celles de nos résultats (128,69 kg) de même que celles de Roamba (2014) au Sénégal (123,8) et Ebangi et Vall (2005) au Nord Cameroun (123,45 kg). Ces différences pourront être dues au système d'élevage et au type d'utilisation. En effet, les animaux de notre zone d'étude sont utilisés pour le transport qui est une activité moins drastique que celle soumise les animaux de trait dans la région du Nord Cameroun où seulement 6% sont utilisé pour le transport. La grande variabilité enregistrée pour la largeur et la profondeur de la poitrine, le poids corporel et le pourtour du canon peut être d'un grand intérêt dans le futur lorsque des objectifs d'amélioration génétiques sont envisagés. Cette variabilité serait la conséquence des différentes modalités d'élevage qui existent dans la zone puisque certains animaux sont en pâturage libre tandis que d'autres sont attachés.

De Aluja et al, (2005), Pearson et Ouassat (1996) et Nengomasha et al, (1997) ont trouvé un coefficient de corrélation élevé entre le poids vif et le pourtour thoracique. Ce qui corrobore avec nos résultats. Cependant ce coefficient de corrélation est égal à celui obtenu par De Aluja et al, (2005) et supérieur à celui de Pearson et Ouassat (1996) ; Nengomasha et al, (1997). Le pourtour thoracique serait ainsi le meilleur predicteur du poids vif. Les valeurs de ICor que nous avons enregistrées sont proches de celles obtenues par Folch et Jordana (1997) sur la race Catalan en Espagne. L'ICP a permit de déterminer que les ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun de type longiligne car inférieur à 1. Ce résultat est similaire à celui de Folch et Jordana (1997). La valeur de l'indice corporel relatif obtenue (1,01) confirme que les ânes étudiés sont longilignes. L'indice de compacité de l'âne étudié a été peu variable. Aucune référence concernant cet indice n'a été enregistrée. Les ânes sont de la zone d'étude sont hypermétrique. Un résultat similaire a été mentionné par Folch et Jordana (1997) mais avec un IDT inférieur à celui de cette étude. Les ânes des du Nord-Ouest Cameroun ayant une région postérieure plus grande que la région antérieure, différent de la race Catalane qui, selon Folch et Jordana (1997) et Garcia (2006), sont bien proportionnés. En revanche, l'indice céphalique est de type dolichocéphalique chez les races d'Espagne et les ânes du Nord-ouest Cameroun. De même, ces deux groupes d'ânes ont une croupe concave comme le révèle l'IP. Le taux de corrélation positive entre ICOR et IC au sein de la population asine des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun est r = 0,81. De tels résultats n'ont pas encore été mis en évidence. Dans la population étudiée, 9 des 16

composantes utilisées permettent d'expliquer à 90,24% la variabilité observée au sein de la population. Garcia (2006), rapportent que trois principales composantes expliquent 99,71 % de la variabilité totale des races asines en Espagne et des 26 variables collectées, seules 10 ont permis de distinguer au mieux les différentes races d'Espagne. Toutefois, le poids vif à lui seul contribuait à 72,20% de la variabilité totale entre les races d'âne d'Espagne. Trois types génétiques existent chez les ânes dans les hautes terres du Nord-Ouest Cameroun. Roamba (2014) a trouvé que la population asine du Sénégal est homogène de même que Salifou (2014) au Burkina Faso. Cependant, Papa et Kume (2012) ont obtenu deux types génétiques en Albanie.

Conclusion

Il existe une grande variabilité morphobiométrique chez ânes des hautes terres du Nord-Ouest Cameroun. Cette diversité est un réservoir de possibilités d'amélioration génétique. Une caractérisation moléculaire permettrait de mieux cernée cette variabilité.

Références

Bouchel D, Lauvergne JJ, Guibert E, Minvielle F, 1997. Etude morpho-biométrique de la chèvre du Rove. Hauteur au garrot, profondeur du thorax, vide sous-sternal et indice de gracilité sous-sternal chez les femelles. Inra Productions Animales 148, (6): 37-46.

Chappez G, 2000. L'âne. Histoire, mythe et réalité. France : Cabédita.

Daveze J, Raveneau A, 2002. Le livre de l'âne. France: Editions Rustica.

De Aluja AS, Pérez TG, Lopez R, Pearson RA, 2005. Liveweight estimation of donkeys in Central Mexico from measurement of thoracic circumference. Tropical Animal Health and production, 37 (1): 159-171.

Ebangi AL, Vall E, 1998. Phenotypic characterization of draft donkeys within the Sudano-Sahelian zone of Cameroon. Revue d'Elevage et de Médecine vétérinaire des Pays tropicaux, 51: 327-334.

Ebangi AL, Vall E, 2005. Dry season effect on live weight and some body dimensions of working donkeys in the Sudano-sahel region of Cameroon. Tropicultura. 23 (1): 48-52.

FAO 2013. Caractérisation phénotypiques des ressources génétiques animales. Directives FAO sur la production et la santé animale, Rome, 11 : 152.

Folch P, Jordana J, 1997. Characterization, references ranges and the influence of gender on morphological parameters of endangered Catalonian donkey breed. Journal of Equine Veterinary Science, 17 (2): 102-111.

Garcia EM, 2006. Caracterizacion morfologica, hematologica y bioquimica clinica en cinco razas asnales espanolas para programas de conservacion. Memoria, Universidad de Barcelona.

Guo HY, Pang K, Zhang XY, Zhao L, Chen SW, Dong ML, Ren FZ, 2007 Composition, physiochemical properties, nitrogen fraction distribution, and amino acid profile of donkey milk. Journal of Dairy Science, 90: 1635–1643

INS, 2013. Annuaire Statistique du Cameroun, Institut National de la Statistique, chapitre 15: élevage et pêche. 265-282.

Ivankovic A, Caput P, Mioc B, Pavic V, 2000. The phenotype features of donkeys in Croatia. Agriculturae conspectus scientificus, 65 (2): 99-105.

Kefena E, Beja-Pereira A, Han JL, Haile A, Mohammed YK, Dessie T, 2011. Eco-geographical structuring and morphological diversities in Ethiopian donkey populations. Livestock Science 141: 232-241.

Kugler W, Grunenfelder HP, Broxham E, 2008. Donkey Breeds in Europe. Inventory, Description, Need for Action, Conservation. Report, Monitoring Institute for Rare Breeds and Seeds in Europe & Save Foundation.

Luurt O, 2001. Utilisation des ânes pour la traction et le labour. Agrodok 35.

Nengomasha EM, Jele N, Pearson RA, 1997. Morphological characteristics of working donkeys in south–western Zimbabwe. Debre Zeit, Ethiopia.

Animal Traction Network for Eastern and Southern Africa, Report.

Papa L, Kume K, 2012. The results of identification and characterisation the donkey population in Albania. Agriculture and Forestry, 58 (3): 125-134.

Pearson RA, Ouassat M, 1996. Estimation of liveweight and body condition of working donkeys in Morocco. Veterinary Records, 138 : 229-233.

Polidori P, Cavallucci C, Beghelli D, Vincenzetti S, 2009. Physical and chemical characteristics of donkey meat from Martina Franca breed. Meat Science. 82: 469-471.

Rabier L, 2012. L'alimentation de l'âne et ses relations avec les maladies asines. Thèse, Toulouse.

Raveneau A, Daveze J, 1996. Le livre de l'âne, son histoire, sa famille, son éducation, toute sa vie. Paris, France : Editions Rustica.

Roamba RC, 2014. Caractérisation morphobiométrique et biochimique des asins (Equus asinus) du Sénégal. Thèse, EISMV, Université Cheikth Anta Diop de Dakar.

Salifou K, 2014. Caractérisation morphobiométrique et biochimique des asins (Equus asinus) du Burkina faso. Thèse, EISMV, Université Cheikth Anta Diop de Dakar.

Smith DG, Pearson RA, 2005. A review of the factors affecting the survival of donkeys in semi-arid regions of Sub-Saharan Africa. Tropical Animal Health and Production. 37 (1): 1–19.

Tesse R, Claudia P, Serena B, Lucio A, 2009. Adequacy and tolerance to ass's milk in an Italian cohort of children with cow's milk allergy. Italian Journal of Pediatrics. 35 (19): 1-4.

Tiringo T, 2010. Investigation on nutritional and microbiological properties of Abyssinian donkey milk from Adea Woreda. Thèse, Addis Ababa University.

Wilson RT, 1981. Distribution and importance of the domestic donkey in circumsaharan Africa. Singapore. Journal of Tropical Geography, 2 (2): 136–143.

DIVERSITY OF GENETIC TYPES OF LOCAL CHICKENS AND INTROGRESSION WITH COMMERCIAL EXOTIC STRAINS IN CAMEROON

Keambou T C[1], Hako T B A 2, Ommeh S[3], Bembide C[4], Manjeli Y[5], Wamonje F[6], Nzuki I[6], Wanjala B[7], Wamalwa M[6], Njahira M[6], Kyalo M[6], Cho C Y[8], Skilton R A[9] and Djikeng A[6]

[1]University of Buea, P.O. Box 63, Buea – Cameroon

[2]Catholic University Institute of Buea (CUIB), P.O Box 563 Buea, Cameroon

[3]Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology, P.O Box 62,000 – 00200 NAIROBI, KENYA

[4]Central African Institute of Agronomic Research (ICRA), PO Box 1762, Bangui, Central African Republic

[5]University of Dschang, P.O. Box 222, Dschang - Cameroun

[6]Biosciences Eastern and Central Africa-International Livestock Research Institute Hub (BecA-ILRI Hub), P.O. Box 30709, Nairobi-00100, Kenya

[7]Kenya Agricultural and Livestock Research Organization, P.O Box 57811, NAIROBI, 00200, Kenya

[8]National Institute of Animal Science, R.D.A., Namwon 590-832, Korea

[9]International Centre of Insect Physiology and Ecology (ICIPE) P.O. Box 30772-00100, Nairobi, Kenya

Abstract

Local chicken in Cameroon has a great diversity that is not yet fully explored. The objective of this study was to evaluate the diversity in genetic types of local chickens in Cameroon and level of introgression with exotic strains on the basis of 25 microsatellite markers. The number of alleles per locus varied from 2 (MCW0103) to 22 (LEI0192), with an average of 9.04. The average Ne was 3.78, while the heterozygosity between loci ranged from 0.31 to 0.75 (Ho), 0.33 to 0.86 (He), 0.40 to 0.81 (UHe) and 0.37 to 0.77 (Ht) with means of 0.60; 0.69; 0.65 and 0.63 respectively for the observed, expected, unbiased and total heterozygosity. The inbreeding coefficients FIS, FIT and FST were 0.03, 0.12 and 0.09 respectively. Only an average 4/25 loci significantly deviates from the Hardy-Weinberg equilibrium. Among the local chicken types, the highest Ho was that of naked necks (0.66 ± 0.17). Feathered tarsus and naked necks have the highest diversity across loci (0.67 ± 0.33 and 0.67 ± 0.34). The commercial strains Hybro and Lohman Brown showed excessive inbreeding. Only 4% of the total molecular variance is attributable to phenotypic differences. The number of migrants was high (6.302) showing admixture among populations. The maximum Nei genetic distances are found between exotic broilers and layers strains. Genetic distances between commercial broilers strains and feathered tarsus and with the normal feathered chicken are moderately high but comparable. Genetic distances among types of local chicken are very low, and the genetic identities very high. The dendrograms reveals that genetic types of local chicken are at intermediate position between commercial broilers and layers. Within the cluster of Cameroon local chickens, it is noticed that the Frizzle local chicken is a much more distant sub-group from other four genetic types, while the feathered tarsus and normal feathered chicken are closer. Broilers and layers chicken are clearly divergent, unlike the genetic types of local chickens. Local chicken types have variable levels of introgression with the various exotic broilers and layers strains. The local normal feathered chicken, although differing from exotic strains presents various introgression levels ranging from low (Lohman Brown) to medium (Arbor Acres and Hybro) and high (Rhode Island Red). In general only 35% of the chicken genomes found in Cameroon could be considered as pure or fully belonging to their respective strains.

Key words: chicken, diversity, genetic types, introgression

DIVERSITÉ DES TYPES GÉNÉTIQUES DES POULETS LOCAUX ET INTROGRESSION AVEC LES SOUCHES EXOTIQUES COMMERCIALES AU CAMEROUN

Résumé

Les poulets locaux du Cameroun montrent une grande diversité qui n'est pas encore totalement explorée. L'objectif de cette étude était d'évaluer la diversité des types génétiques des poulets locaux du Cameroun et le niveau d'introgression avec des souches exotiques sur la base de 25 marqueurs microsatellites. Le nombre d'allèles par locus variait entre 2 (MCW0103) et 22 (LEI0192), avec une moyenne de 9,04. La moyenne Ne était de 3,78, tandis que l'hétérozygotie entre locus variait entre 0,31 et 0,75 (Ho), 0,33 et 0,86 (He), 0,40 et 0,81 (UHe), 0,37 et 0,77 (Ht) avec des moyens de 0,60; 0,69; 0,65 et 0,63 respectivement pour l' hétérozygotie observée, présumée, non biaisée et totale. Les coefficients de consanguinité FIS, FIT et FST étaient respectivement de 0,03 ; 0,12 ; et 0,09. Seule une moyenne 4/25 de locus s'est écartée significativement de l'équilibre Hardy-Weinberg. Parmi les types de poulet locaux, le Ho le plus élevé était celui des cous nus (0,66 ± 0,17). Les poulets aux tarses emplumés et les cous nus présentent la plus grande diversité dans tous les locus (0,67 ± 0,33 et 0,67 ± 0,34). Les souches commerciales Hybro et Lohman Brown ont montré une consanguinité excessive. Quatre pour cent (4%) seulement de la variance moléculaire totale est attribuable aux différences phénotypiques. Le nombre de migrants était élevé (6,302) montrant un mélange entre les populations. Les distances génétiques maximales Nei sont observées entre les souches des poulets de chair exotiques et des pondeuses. Les distances génétiques entre les souches de poulets de chair commerciaux et les poulets à tarses emplumés et les poulets à emplument normal sont modérément élevées mais comparables. Les distances génétiques entre les types de poulets locaux sont très faibles, et les identités génétiques très élevées. Les dendrogrammes révèlent que les types génétiques des poulets locaux sont en position intermédiaire entre les poulets de chair commerciaux et les pondeuses. Dans le groupe des poulets locaux du Cameroun, il a été noté que les poulets locaux au plumage frizé est un sous-groupe beaucoup plus éloigné des quatre autres types génétiques, tandis que les poulets à tarses emplumés et les poulets à emplument normal sont plus proches. Les poulets de chair et les pondeuses sont clairement divergents, contrairement aux types génétiques des poulets locaux. Les types de poulets locaux ont des niveaux variables d'introgression avec les souches des différents poulets exotiques et des pondeuses. Les poulets locaux à emplument normal, bien que différents des souches exotiques, présente différents niveaux d'introgression allant de « faible » (Lohman Brown) à « moyen » (Arbor Acres et Hybro) et « élevé » (Rhode Island Red). En général, seuls 35% des génomes de poulets trouvés au Cameroun pourraient être considérés comme pur ou totalement appartenant à leurs diverses souches.

Mots-clés : poulet, diversité, types génétiques, introgression

Introduction

The local chicken of Cameroon has a great diversity as well at morphobiometrical, zootechnical and molecular level (Fotsa and pone, 2001; Keambou *et al.,* 2007; Hako et al, 2009 a and b. Fotsa *et al.,* 2010, Keambou *et al.,* 2013). This variability of characters and performances made the local chicken of Cameroon a major reservoir of biodiversity, eventually usable according to their specific potential to support a breeding program and revitalize the national and international poultry industry. The long-term future of each livestock depends largely on its value and/or its ability to cater for specific needs through unique characters. Thanks to peasants' experiences and on station studies, the main genetic types of local chickens reported by Keambou et al. (2007) and Fotsa et al. (2010) in Cameroon would have special potentials in terms of reproductive and growth performance, and adaptability for some pathological or heat stresses. These chickens are the result of the penetrance and expressivity of major genes usable within a breeding program. Although is it known that that the existence of morphological variation is not well correlated with productivity traits, since they are based on a small number of loci and can be quickly changed

by selection, previous studies have demonstrated that the observed phenotypic variability had significant effects on certain animal performance (Keambou *et al.,* 2007; Hako et al, 2009 a and b; Fotsa et al, 2010; Haoua, 2011). However, molecular data would be needed to describe the level of divergence and the actual distances between these genetic types, to better guide the genetic improvement towards a production goal. Thus, the objective of this work was to evaluate the diversity of the genetic types of local chickens in Cameroon and possible introgression with prevailing exotic strains on the basis of 25 microsatellite markers.

Materials and methods

Sample collection and DNA extraction: Cameroon extends from 2° - 13° N which gives it almost all the characteristics of inter-tropical climates, including humid and dry conditions. The south has an equatorial climate up to latitude 6° N; while between latitudes 6° - 13° N, has a tropical climate. topographic and oceanic effects modify local climates (Pamo, 2008). Samples were collected in four (Sudano Sahelian, Sudano Guinean, Western Highlands and humid forest with monomodal rainfalls) of the five different agroecological zones of Cameroon.

A total of 314 unrelated chickens were sampled, comprising five phenotypes of local chickens, two broilers and two layers commercial lines. The description of the local chicken was reported earlier (Keambou *et al.,* 2007). Populations were inferred based on Agro-ecological zone and feathering types. A drop of blood was sampled from the cubital vein of each bird onto Whatman FTA™ filter cards (Whatman International Ltd), and conditioned according to the standard procedure. Genomic DNA was isolated using a boiling method as described by Smith and Burgoyne (2004).

PCR amplification and DNA polymorphism: Twenty five fluorescently-labeled polymorphic microsatellite markers

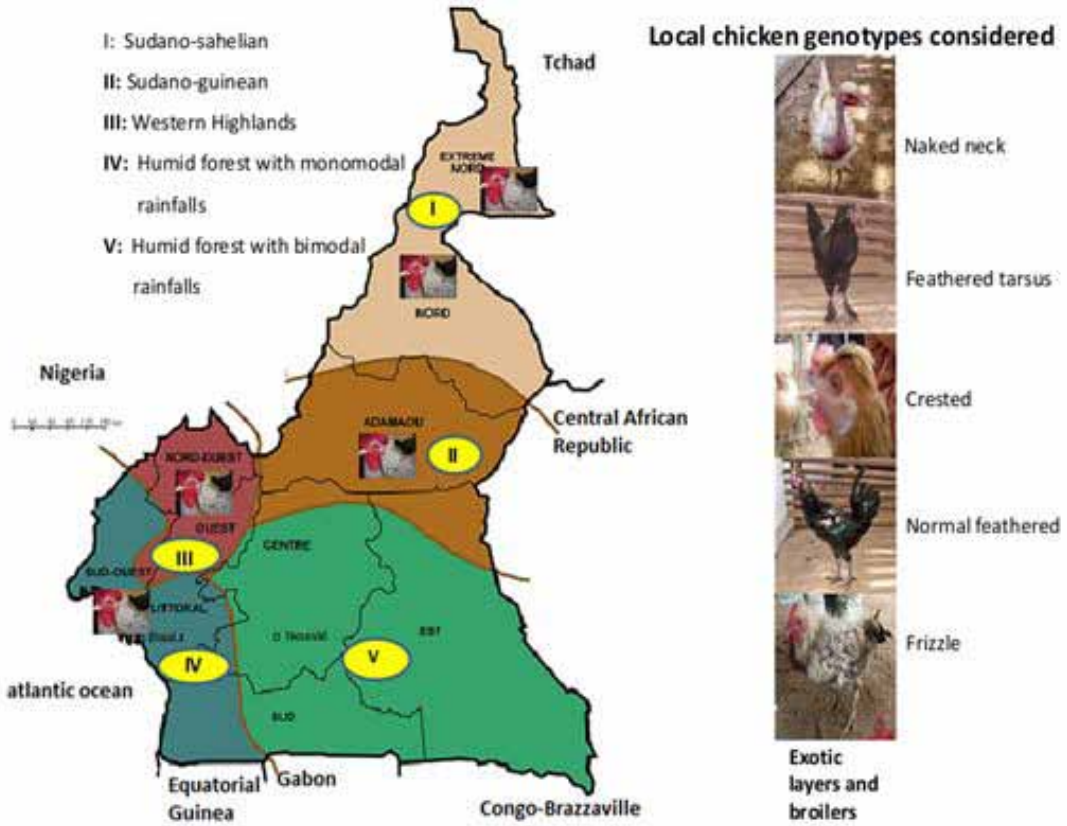


Figure 1: Sampling areas and genetic types of local chicken

were selected, based on the degree of polymorphism and genome coverage (FAO, 2011). PCR reactions were carried out in a volume of 10 µL, containing 20 ng target DNA, 1X DreamTaq buffer, 0.2 µMdNTP's, 0.08 u/µL DreamTaq DNA polymerase and 0.2 µM of each forward and reverse primer. Thermal cycling was carried out in a GeneAmp® PCR System 9700thermal cycler (Applied biosystems) with the following program: 1 min at 94°C followed by 35 cycles consisting of 30 sec at 94°C, 30 sec at 60°C, 30 sec at 72°C and a final extension step of 10 min at 72°C. Samples were analyzed on an ABI PRISM 377 DNA Sequencer. GeneScan -500 LIZ® (Applied Biosystems) was used as internal size standard. The GeneMapper version 4.1 (Applied Biosystems) was used to determine the fragment sizes in base pairs.

Data analysis: Total number of alleles, allele frequencies and average number of alleles per locus, observed heterozygosity, expected heterozygosity and inbreeding coefficients (FIT, FST and FIS) and ANOVA were determined using the Arlequin version 1.1. and GenAlEx software version 6.3 (Peakall and Smouse, 2006). Pairwise FST (proportion of genetic variability due to population sub-structuring) values were computed for all pairs of genetic types using the Arlequin software package. Nei's standard genetic distances (Nei, 1972) were estimated among pairs of populations using the GenAlEx software version 6.3. A pairwise comparison of the 100,000 solutions was carried out. Solutions with over 95% similarity were considered identical. An unrooted Neighbor-Joining cladogram was obtained based on pair-wise kinship distance matrix between genetic types using the Neighbor-Joining program implemented in PHYLIP (Felsenstein, 1995). A consensus tree, evaluated by 1,000 bootstraps across the set of loci, was constructed.

Results

Polymorphism of microsatellite markers and biomolecular characteristics of genetic types of local chickens in Cameroon

Table 1 shows the microsatellite polymorphism for the major genetic types of Cameroon chickens.

It appears from Table 1 that the number of alleles varied from 2 (MCW0103) to 22 (LEI0192), with an average of 9.04, while the average effective number of alleles (Ne) was 3. 78. The heterozygosity between loci ranged from 0.31 to 0.75 (Ho), 0.33 to 0.86 (He), 0.40 to 0.81 (UHe) and from 0.37 to 0.77 (Ht) with means of 0.60; 0.69; 0.65 and 0.63 respectively for the observed, expected, unbiased and total heterozygosity. Whatever type of heterozygosity, the lowest values were obtained with MCW0248 and MCW0103. Moreover, these two loci presented the lowest Shannon indices of 0.60 and 0.65 respectively, for an average of 1.44.

The average inbreeding coefficients within individuals (FIS), among individuals in the `genetic types (FIT) and between genetic types were 0.03; 0.12 and 0.09 respectively, but all these parameters varied considerably between loci. 32% of loci showed excessive inbreeding. A similar trend was observed with regard to the fixation index in different loci where it ranges from -0.20 to 0.25 with an average of 0.03. The number of migrants per locus ranged from 1.42 to 7.78.

The test for Hardy-Weinberg equilibrium of the loci within genetic types of local chickens in Cameroon is presented in table 2, while table 3 shows the standard indices of genetic diversity of major genetic types of Cameroon chickens.

It appears from Table 2 that, considering the 25 loci, only an average of 4 loci significantly deviates from the Hardy-Weinberg equilibrium. The most stable exotic chicken is the Hybro, with only 1/25 not meeting the Hardy-Weinberg law, while Lohman Brown strain has 10/25 unbalanced loci. Among the genetic types of local chickens, an average of about 9.2 loci is unbalanced. The most stable genetic type was the Frizzle chicken (1/25) while the local normal feathered chicken presented 88% (22/25) of its loci in Hardy-Weinberg disequilibrium.

The standard indices of genetic diversity between genetic types of local chickens in Cameroon presented in Table 3 show that

Table 1: Polymorphism of microsatellite markers in Cameroon chickens.

No	Markers	Ch	N	SR (bp)	NA	Ne	Ho	He	Ht	UHe	I	FIS	FIT	FST	Nm	F
1	ADL0112	10	303	122-130	5	3.60	0.63	0.72	0.69	0.72	1.37	0.01	0.07	0.05	4.40	0.02
2	ADL0268	1	306	102-114	6	3.49	0.63	0.71	0.68	0.71	1.36	-0.08	-0.02	0.05	4.22	-0.08
3	ADL0278	8	300	112-122	5	2.83	0.54	0.65	0.55	0.58	1.13	0.12	0.24	0.13	1.60	0.15
4	LEI0094	4	304	249-285	15	4.57	0.69	0.78	0.70	0.74	1.92	0.06	0.13	0.08	3.02	0.07
5	LEI0166	3	306	347-361	5	2.03	0.47	0.51	0.51	0.54	0.95	-0.10	-0.04	0.05	4.55	-0.09
6	LEI0192	6	306	256-372	22	5.98	0.68	0.83	0.74	0.78	2.15	0.13	0.21	0.09	2.54	0.13
7	LEI0234	2	296	215-367	21	9.44	0.68	0.89	0.77	0.81	2.50	0.23	0.32	0.11	1.96	0.23
8	MCW0014	6	306	164-186	8	2.35	0.47	0.58	0.55	0.57	1.04	0.11	0.20	0.10	2.16	0.07
9	MCW0016	3	306	138-174	8	3.77	0.73	0.74	0.72	0.75	1.51	-0.02	0.02	0.04	5.55	-0.01
10	MCW0020	1	296	176-186	5	3.41	0.63	0.71	0.65	0.68	1.34	0.09	0.17	0.08	2.95	0.09
11	MCW0034	2	302	174-248	16	7.08	0.79	0.86	0.76	0.79	2.12	-0.06	0.06	0.11	2.06	-0.07
12	MCW0037	3	306	152-156	3	2.77	0.53	0.64	0.58	0.61	1.05	0.08	0.17	0.10	2.13	0.08
13	MCW0067	10	304	139-183	8	3.05	0.57	0.67	0.55	0.57	1.26	0.02	0.17	0.15	1.42	-0.01
14	MCW0069	26	303	152-174	10	2.98	0.66	0.66	0.62	0.65	1.38	0.01	0.03	0.03	7.78	-0.01
15	MCW0081	5	304	111-133	8	2.35	0.51	0.57	0.51	0.53	1.07	0.01	0.11	0.11	2.07	-0.01
16	MCW0103	3	304	266-270	2	1.84	0.47	0.46	0.43	0.45	0.65	-0.03	0.03	0.06	3.77	-0.03
17	MCW0104	13	290	186-226	17	6.01	0.67	0.83	0.73	0.77	2.17	0.02	0.17	0.15	1.43	0.03
18	MCW0123	14	306	76-94	9	4.10	0.64	0.76	0.68	0.71	1.64	0.03	0.13	0.10	2.27	0.04
19	MCW0165	23	302	101-131	9	3.55	0.42	0.72	0.63	0.66	1.57	0.27	0.35	0.11	2.00	0.25
20	MCW0183	7	299	296-322	10	4.09	0.75	0.76	0.72	0.75	1.63	-0.19	-0.11	0.07	3.35	-0.20
21	MCW0206	2	302	221-245	8	3.47	0.68	0.71	0.64	0.67	1.42	0.01	0.07	0.06	3.66	0.01
22	MCW0222	3	306	216-222	4	2.74	0.52	0.64	0.50	0.52	1.14	0.15	0.27	0.14	1.55	0.15
23	MCW0248	1	306	212-222	4	1.503	0.31	0.33	0.37	0.40	0.61	-0.02	0.09	0.10	2.12	-0.01
24	MCW0295	4	301	85-103	9	3.86	0.70	0.74	0.69	0.72	1.59	-0.08	-0.01	0.073	3.18	-0.08
25	MCW0330	17	299	248-288	9	3.65	0.62	0.73	0.65	0.68	1.53	0.01	0.13	0.11	1.94	0.04
					9.04	3.78	0.60	0.69	0.63	0.65	1.44	0.03	0.12	0.09	2.47	0.03

N = number of individuals genotyped; Chr = chromosome; SR = range of the size of the observed allele; NA = number of observed alleles; Ne = effective number of alleles; Ho = observed heterozygosity; He = expected heterozygosity; I = Shannon's index; FIT, FST and FIS = total inbreeding coefficient groups, between groups and within groups; F = fixation index, Nm = number of migrants

Table 2: Test of probability for Hardy-Weinberg equilibrium of loci of genetic types of chickens

No	Loci	Genetic types of chickens								
		Arbor Acres	Crested	Feathered tarsus	Frizzled	Hybro	Lohman Brown	Naked neck	Normal Feathered	Rhode Island Red
1	ADL0112	0.142^{ns}	0.003**	0.618^{ns}	0.411^{ns}	0.782^{ns}	0.000***	0.096^{ns}	0.000***	0.506^{ns}
2	ADL0268	0.831^{ns}	0.270^{ns}	0.426^{ns}	0.769^{ns}	0.140^{ns}	0.177^{ns}	0.042*	0.000***	0.528^{ns}
3	ADL0278	0.000***	0.020*	0.584^{ns}	0.046*	0.276^{ns}	0.103^{ns}	0.802^{ns}	0.168^{ns}	0.801^{ns}
4	LEI0094	0.360^{ns}	0.817^{ns}	0.589^{ns}	0.475^{ns}	0.776^{ns}	0.007**	0.395^{ns}	0.000***	0.062^{ns}
5	LEI0166	0.795^{ns}	0.003**	0.000***	0.789^{ns}	0.032*	0.723^{ns}	0.516^{ns}	0.000***	0.339^{ns}
6	LEI0192	0.629^{ns}	0.269^{ns}	0.048*	0.451^{ns}	0.365^{ns}	0.001***	0.149^{ns}	0.000***	0.677^{ns}
7	LEI0234	0.987^{ns}	0.472^{ns}	0.000***	0.217^{ns}	0.852^{ns}	0.004**	0.000***	0.000***	0.100^{ns}
8	MCW0014	0.686^{ns}	0.000***	0.000***	0.136^{ns}	0.809^{ns}	0.658^{ns}	0.000***	0.000***	0.046*
9	MCW0016	0.537^{ns}	0.257^{ns}	0.627^{ns}	0.339^{ns}	0.403^{ns}	0.318^{ns}	0.871^{ns}	0.962^{ns}	0.207^{ns}
10	MCW0020	0.123^{ns}	0.374^{ns}	0.112^{ns}	0.475^{ns}	0.146^{ns}	0.013*	0.484^{ns}	0.000***	0.207^{ns}
11	MCW0034	0.785^{ns}	0.588^{ns}	0.913^{ns}	0.150^{ns}	0.384^{ns}	0.555^{ns}	0.854^{ns}	0.000***	0.256^{ns}
12	MCW0037	0.841^{ns}	0.202^{ns}	0.861^{ns}	0.172^{ns}	0.131^{ns}	0.559^{ns}	0.400^{ns}	0.002**	0.217^{ns}
13	MCW0067	0.405^{ns}	0.950^{ns}	0.174^{ns}	0.079^{ns}	0.682^{ns}	0.523^{ns}	0.000***	0.000***	0.775^{ns}
14	MCW0069	0.892^{ns}	0.985^{ns}	0.106^{ns}	0.442^{ns}	0.443^{ns}	0.618^{ns}	0.151^{ns}	0.001***	0.227^{ns}
15	MCW0081	0.762^{ns}	0.001**	0.871^{ns}	0.137^{ns}	0.545^{ns}	0.909^{ns}	0.058^{ns}	0.000***	0.931^{ns}
16	MCW0103	0.218^{ns}	0.505^{ns}	0.997^{ns}	0.576^{ns}	0.700^{ns}	0.064^{ns}	0.573^{ns}	0.299^{ns}	1.000^{ns}
17	MCW0104	0.575^{ns}	0.705^{ns}	0.019*	0.629^{ns}	0.705^{ns}	0.039*	0.352^{ns}	0.000***	0.100^{ns}
18	MCW0123	0.007**	0.000***	0.000***	0.446^{ns}	0.814^{ns}	0.084^{ns}	0.940^{ns}	0.000***	0.227^{ns}
19	MCW0165	0.001***	0.000***	0.000***	0.103^{ns}	0.665^{ns}	0.000***	0.000***	0.000***	0.311^{ns}
20	MCW0183	0.184^{ns}	0.910^{ns}	0.703^{ns}	0.353^{ns}	0.270^{ns}	0.003**	0.010**	0.000***	0.285^{ns}
21	MCW0206	0.757^{ns}	0.066^{ns}	0.735^{ns}	0.405^{ns}	0.077^{ns}	0.618^{ns}	0.970^{ns}	0.049*	0.351^{ns}
22	MCW0222	0.949^{ns}	0.196^{ns}	0.000***	0.223^{ns}	0.923^{ns}	0.442^{ns}	0.144^{ns}	0.002**	0.046*
23	MCW0248	0.708^{ns}	0.803^{ns}	0.465^{ns}	0.709^{ns}	0.362^{ns}	0.810^{ns}	0.065^{ns}	0.000***	0.261^{ns}
24	MCW0295	0.702^{ns}	0.304^{ns}	0.650^{ns}	0.396^{ns}	0.941^{ns}	0.041*	0.023*	0.000***	0.677^{ns}
25	MCW0330	0.084^{ns}	0.055^{ns}	0.000***	0.655^{ns}	0.311^{ns}	0.000***	0.151^{ns}	0.000***	0.311^{ns}

*ns = non significatif. * P<0.05. ** P<0.01, *** P<0.001.*

Table 3: Standard Indices of genetic diversity of major genetic types of chickens.

Genetic types	Number of						Ho	He	GDL	Theta (H)	I	F_{IS}
	Loci	UL	PL	AL	Gene copies	PA						
Arbor Acres	25	23	23	4.32± 1.25	31.76±0.88	0	0.62± 0.19	0.62±0.13	0.63 ± 0.32	1.64	1.12	0.00
Huppé	25	22	22	5.12±1.99	31.76±0.66	3	0.59±0.20	0.66±0.16	0.66 ± 0.33	1.99	1.84	0.11
Feathered tarsus	25	25	25	6.52±3.16	95.84±0.55	2	0.59±0.13	0.67±0.13	0.67 ± 0.33	2.08	1.95	0.12
Frizzle	25	22	22	3.32 ± 0.80	9.76 ±0.66	0	0.63±0.23	0.67±0.12	0.66 ± 0.36	2.01	1.50	0.06
Hybro	25	25	25	4.08±1.66	24.00±0.00	2	0.67 ±0.20	0.63±0.14	0.63 ± 0.33	1.74	1.62	-0.06
Lohman Brown	25	25	25	3.92 ±1.47	39.84±0.55	0	0.61±0.25	0.57±0.18	0.57 ± 0.29	1.33	1.46	-0.07
Naked neck	25	24	24	6.12±3.29	49.60±1.00	3	0.66±0.17	0.68±0.13	0.67 ± 0.34	2.13	1.96	0.09
Normal Feathered	25	22	22	8.44±4.76	304.48±7.08	58	0.59±0.11	0.68±0.13	0.65 ± 0.32	2.16	2.08	0.13
Rhode Island Red	25	24	24	3.52±0.96	7.92±0.40	0	0.50±0.27	0.70±0.15	0.70 ± 0.39	2.31	1.57	0.28

*UL = loci usable, AL = alleles per locus, PL = polymorphic loci, Ho = observed heterozygosity, He = expected heterozygosity, GDL = gene diversity of loci, I = Shannon index, PA = private alleles. * P value (random FIS ≥ observed FIS.*

Table 4: Analysis of molecular variance for all loci

Source of variation	df	Sum of square	Mean square	Variances component	Percentage of variation	Inbreeding Coefficients	Nm
Between genetic types	8	218.692	27.336	0.335	4		
Between individuals within genetic types	297	2810.550	9.463	1.022	12	FST = 0.038 FIS = 0.121 FIT = 0.155	6.302
Within individuals	306	2270.500	7.420	7.420	84		
Total	**611**	**5299.742**		**8.776**	**100**		

Nm = number of migrants

Table 5: FST paired Distances of genetic types (10,100 permutations)

Genetic types	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)
Arbor Acres (1)									
Crested (2)	0.064***								
Feathered tarsus (3)	0.051***	0.005ns							
Frizzle (4)	0.042***	0.016ns	0.004ns						
Hybro (5)	-0.001ns	0.080***	0.059***	0.057***					
Lohman Brown (6)	0.159***	0.129***	0.105***	0.134***	0.163***				
Naked neck (7)	0.074***	0.003ns	0.006ns	0.019ns	0.072***	0.135***			
Normal feathered (8)	0.062***	0.006 ns	0.001ns	0.004ns	0.067***	0.107***	0.001ns		
Rhode Island Red (9)	0.057**	0.056*	0.044*	0.025ns	0.066**	0.028ns	0.067***	0.045**	

** P< 0.05, ns = non significant*

99.94% of the loci were usable and 100% of them were polymorphic. The average number of alleles per locus was lower among Frizzle chickens (3.32 ± 0.80) and higher in normal feathered chicken (8.44 ± 4.76). The same trend was observed for the number of gene copies that was minimal in Rhode Island Red (7.92 ± 0.40) and maximum in the normal feathered chicken (304.48 ± 7.08). Among the commercial strains, only the Hybro strain showed private alleles (2). Within the local chicken groups, normal feathered chicken presented 58 private alleles, while the frizzle chicken had none. The lowest observed heterozygosity in commercial strains was that of Rhode Island Red (0.50 ± 0.27) and the highest among the Hybro strain (0.67 ± 0.20). Among the genetic types of local chickens, the highest observed heterozygosity was obtained in naked necks (0.66 ± 0.17). The greatest diversity across loci of commercial

Table 7: Matrix of Nei genetic distance (below the diagonal) and identity (above the diagonal)

Genetic types	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)
Arbor Acres (1)		0.804	0.835	0.800	0.943	0.676	0.790	0.818	0.737
Crested (2)	0.218		0.953	0.859	0.775	0.734	0.952	0.959	0.737
Feathered tarsus (3)	0.180	0.048		0.885	0.822	0.786	0.957	0.982	0.774
Frizzle (4)	0.223	0.153	0.123		0.776	0.699	0.857	0.892	0.744
Hybro (5)	0.059	0.255	0.195	0.253		0.675	0.787	0.808	0.725
Lohman Brown (6)	0.392	0.309	0.240	0.358	0.393		0.721	0.778	0.853
Naked neck (7)	0.236	0.049	0.044	0.154	0.240	0.327		0.975	0.723
Normal feathered (8)	0.201	0.041	0.018	0.115	0.213	0.250	0.025		0.780
Rhode Island Red (9)	0.305	0.305	0.256	0.295	0.322	0.159	0.324	0.248	

** P< 0.05, ns = non significant*

Table 8: Matrix of unbiased Nei unbiased genetic and identities distances.

Genetic types	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)
Arbor Acres (1)		0.848	0.867	0.903	1.003	0.705	0.826	0.843	0.861
Crested (2)	0.164		0.990	0.969	0.824	0.767	0.996	0.989	0.861
Feathered tarsus (3)	0.143	0.010		0.983	0.861	0.808	0.985	0.996	0.890
Frizzle (4)	0.102	0.031	0.018		0.884	0.781	0.960	0.983	0.930
Hybro (5)	0.000	0.193	0.150	0.124		0.711	0.830	0.840	0.853
Lohman Brown (6)	0.349	0.265	0.213	0.247	0.342		0.746	0.794	0.986
Naked neck (7)	0.191	0.004	0.015	0.041	0.187	0.293		0.996	0.837
Normal feathered (8)	0.171	0.011	0.004	0.017	0.174	0.230	0.004		0.890
Rhode Island Red (9)	0.150	0.149	0.117	0.073	0.159	0.014	0.178	0.116	

** P< 0.05, ns = non significant*

strains was that of Rhode Island Red (0.70 ± 0.39), whereas among local chickens, feathered tarsus and naked necks both have the same high diversity (0.67 ± 0.33 and 0.67 ± 0.34). The Shannon index was highest among local feathered chicken (2.08), while the commercial strains Hybro and Lohman Brown showed excessive inbreeding.

Table 4 shows the analysis of molecular variance of the loci between different types of chickens.

From Table 4 only 4% of the total variance is attributable to phenotypic differences, the remaining 96% being due to individual variability in the genetic types. The inbreeding coefficient between genetic types (0.038) was low compared to the values of individuals and between individuals in the

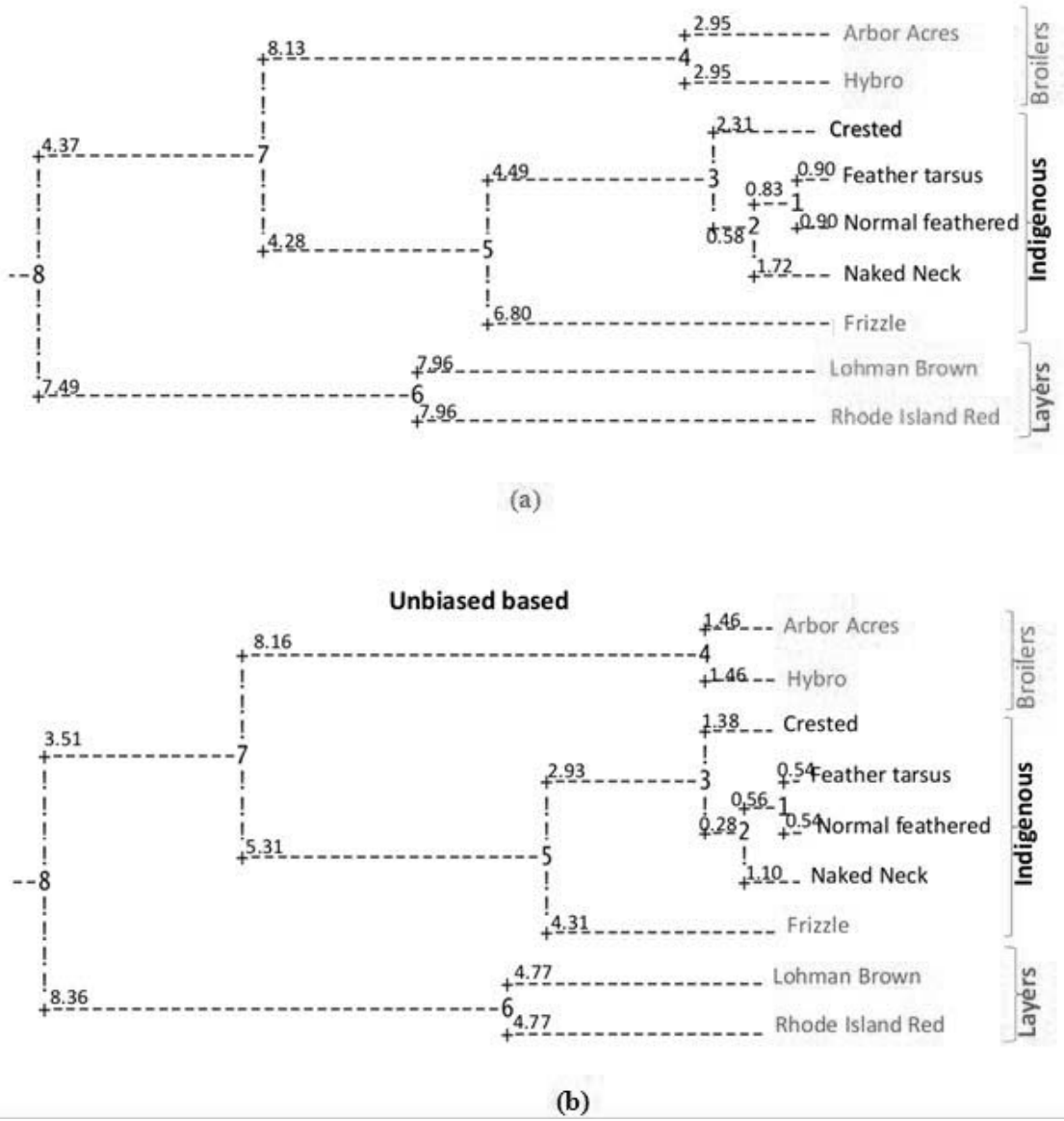


Figure 2: UPGMA dendrogram based on genetic distances (a) and unbiased (b) genetic distance of Nei showing the relationship between genetic types of local Cameroon and exotic strains.

different genetic types that were 0.155 and 0.121 respectively. The number of migrants was high (6.302), probably due to the reform of exotic strains in village farms or uncontrolled crosses between genetic types of local chickens.

The observed variability could be further attributed to the diversity of local chickens groups. This variability associated with genetic diversity of standard parameters might suggest that local chickens in Cameroon are still primary populations.

The FST Paired distances between genetic types based on 10100 permutations are presented in Table 5.

Table 5 revealed that in commercial strains, genetic distances between Arbor Acres Hybro Lohman Brown and Rhode Island Red are not significant. All these commercial strains are conversly significantly distant from local chicken genetic types of Cameroonian, with the exception of the distance between the Rhode Island Red and local Frizzle chicken. On

the contrary, no paired distance between the different genetic types of local chickens was significant.

Table 6 shows the paired matrix of Reynold's co-kinship coefficients between genetic types of chickens.

As shown in Table 6, the highest coefficient was observed between Lohman Brown and Hybro (0.178) followed by that between Lohman Brown and Arbor Acres (0.173). Apart from the Rhode Island Red, the largest co-kinship coefficients were obtained between Lohman Brown and other types of chicken.

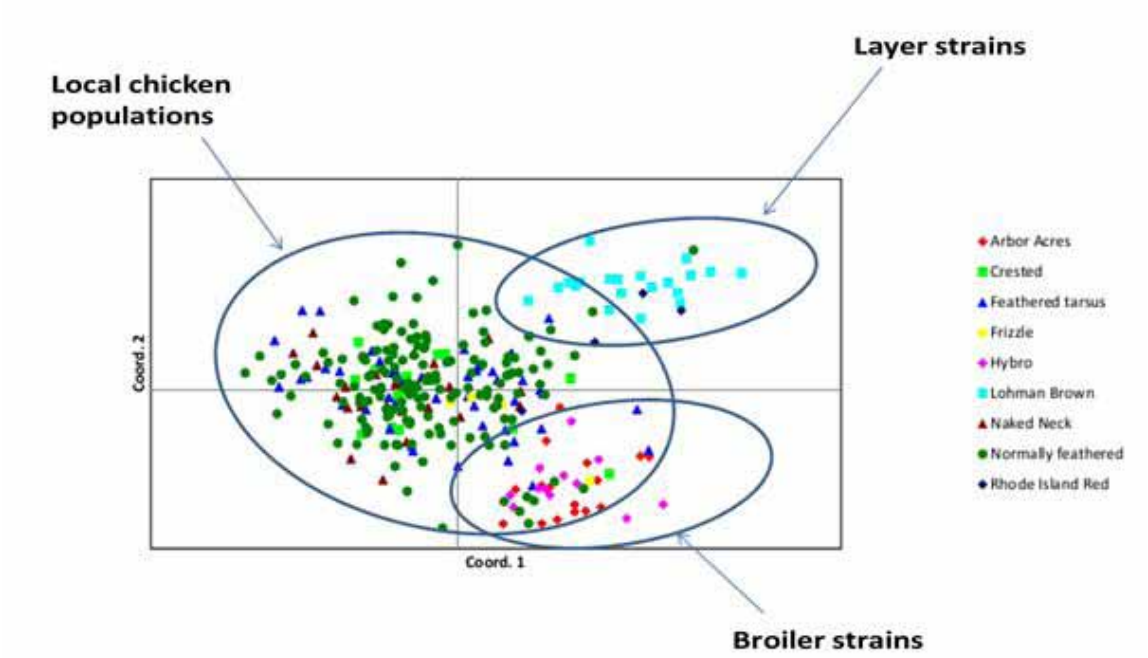


Figure 4: Introgression between genetic types of local Cameroon local chicken and commercial broilers and layers strains.

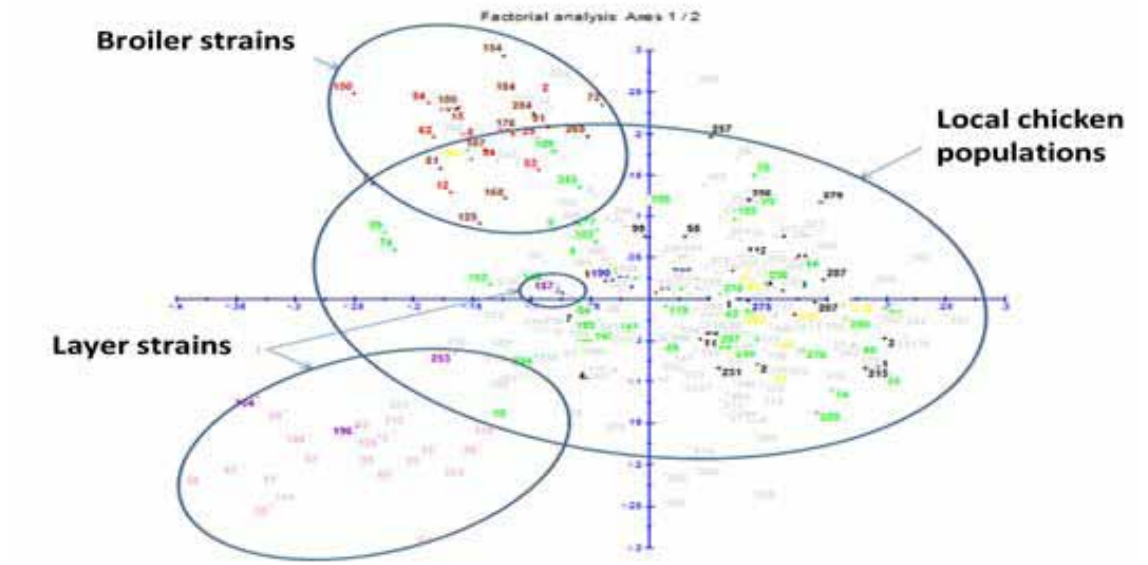


Figure 5: Factor analysis of population of the genetic types of chickens

Genetic distances between genetic types

Table 7 shows Nei genetic distances and identities between the main genetic types of local chicken in Cameroon and some commercial broilers and layers strains encountered in Cameroon.

It comes from Table 7 that, in general, the maximum distances are observed between exotic broilers and layers strains. Nei genetic distance is higher between Lohman Brown - Hybro and Lohman Brown- Arbor Acres. But it also appears that the genetic distances between the layers and Frizzle local chicken are also high and comparable. Genetic distances between commercial broilers strains and feathered tarsus then with the normal feathered chicken are moderately high but comparable. On the contrary, genetic distances between genetic types of local chicken are very low. Moreover, it is noticed that the biggest genetic identities are found between genetic types of local chicken.

Table 8 shows the matrix of unbiased Nei unbiased genetic and identities distances.

The matrix of unbiased distances and identities of Nei show the same general trend as the Nei genetic distances and identities. However, while significant reductions were recorded with the genetic distance between Rhode Island Red - Crested and Rhode Island Red - Frizzle local chicken, the genetic distance between of Nei Arbor Acres and Hybro became zero.

Table 9: Self-assignment of groups of genetic types of local chicken and commercial broilers and layers strains exploited in Cameroon

Genetic types	Auto-Population.	Other Population	% Self-assignment
Arbor Acres	6	9	40
Crested	4	14	22.22
Feathered tarsus	19	29	39.58
Frizzle	0	5	0
Hybro	4	8	33.33
Lohman Brown	20	0	100.00
Naked neck	6	23	20.69
Normal feathered	48	107	31.00
Rhode Island Red	0	4	0
Total	107	199	35
Percentage	35%	65%	

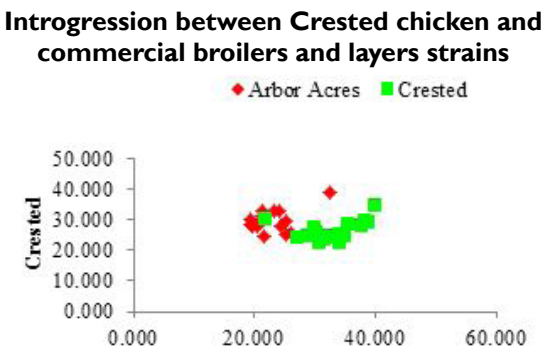


Figure 6: Introgression between crested local chicken and Arbor Acres

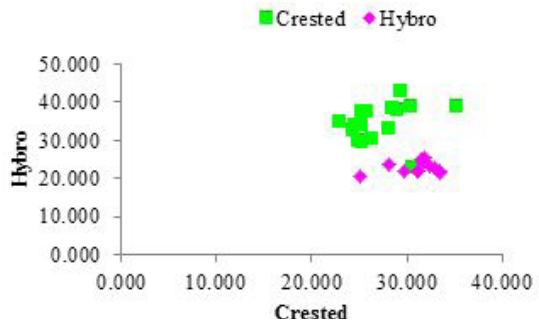


Figure 7: Introgression between crested local chicken and Hybro

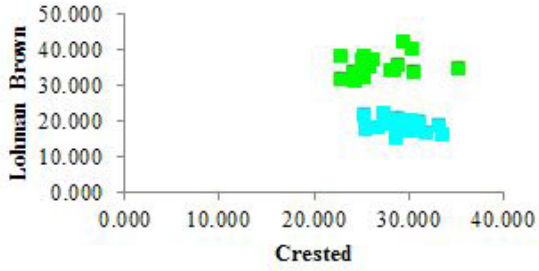


Figure 8: Introgression between local crested chicken Lohman Brown

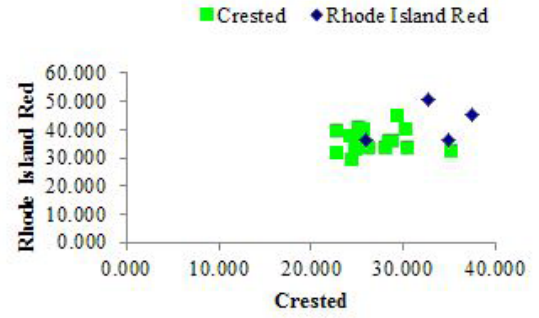


Figure 9: Introgression between local crested chicken Rhode Island Red

Introgression between the feathered tarsus local chicken and commercial strain

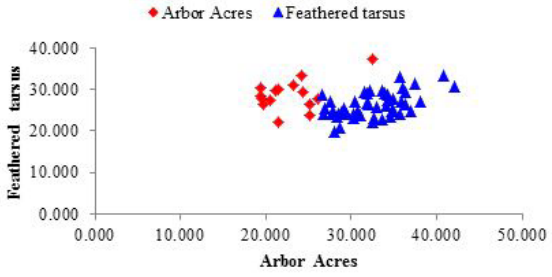


Figure 10: Introgression between the local feathered tarsus and Arbor Acres

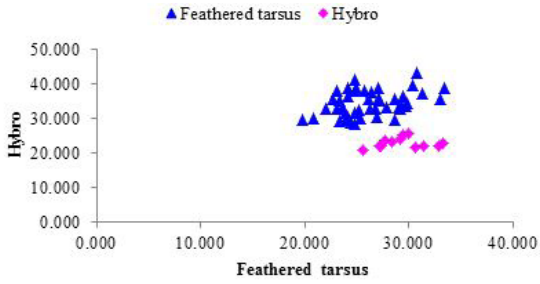


Figure 11: Introgression between the local feathered tarsus and Hybro

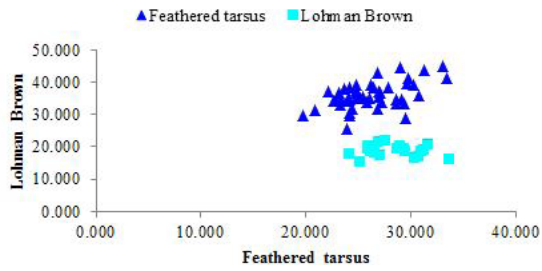


Figure 12: Introgression between the local feathered tarsus and Lohman Brown

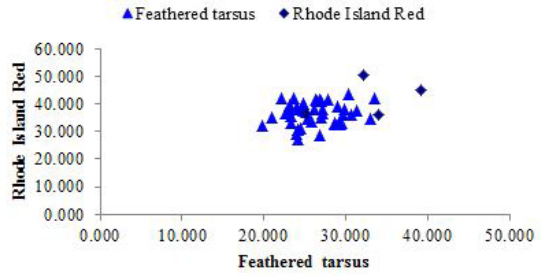


Figure 13: Introgression between the local feathered tarsus and Rhode Island Red

Introgression between the frizzle local chicken and the commercial strains

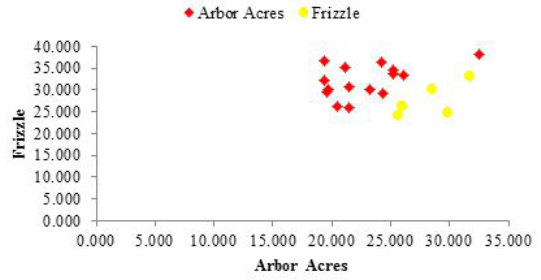


Figure 14: Introgression between the frizzle local chicken and Arbor Acres

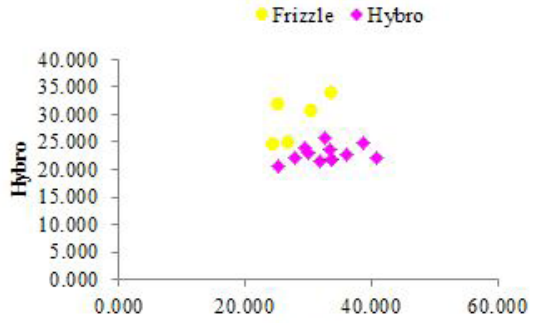


Figure 15: Introgression between the frizzle local chicken and Hybro

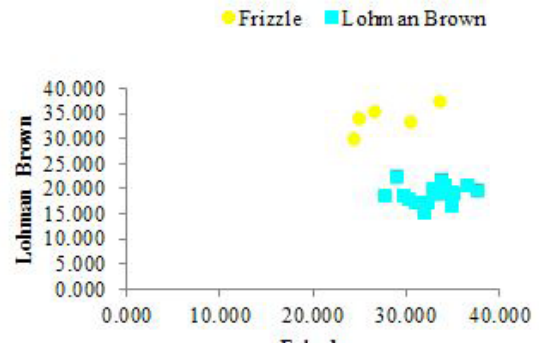


Figure 16: Introgression between the frizzle local chicken and Lohman Brown

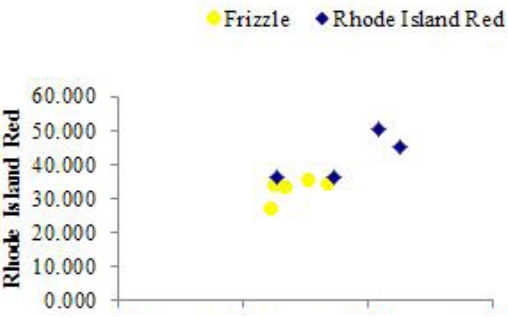


Figure 17: Introgression between the frizzle local chicken and Rhode Island Red

Introgression between the naked neck local chicken and commercial strains

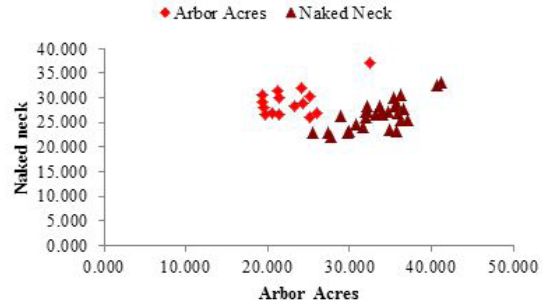


Figure 18: Introgression between the naked neck local chicken and Arbor Acres

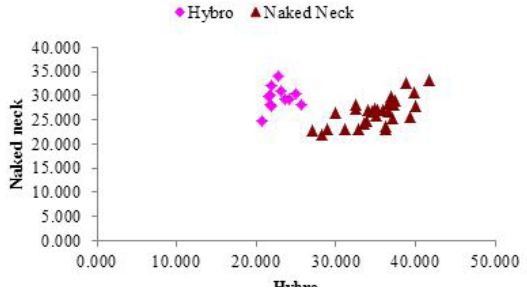


Figure 19: Introgression between the naked neck local chicken and Hybro

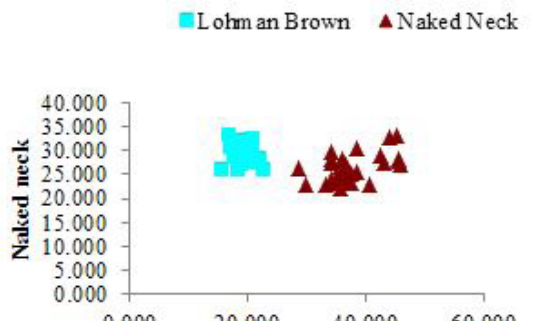


Figure 20: Introgression between the naked neck local chicken and Lohman Brown

Introgression between normal feathered local chicken and commercial strains

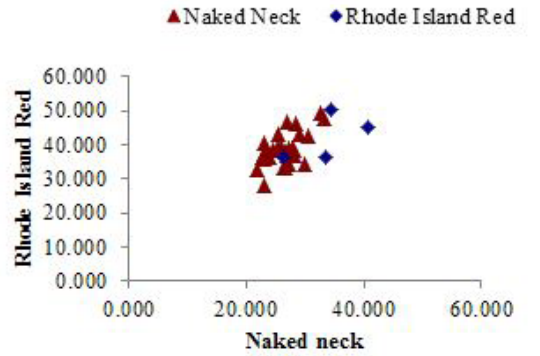


Figure 21: Introgression between the naked neck local chicken and Rhode Island Red

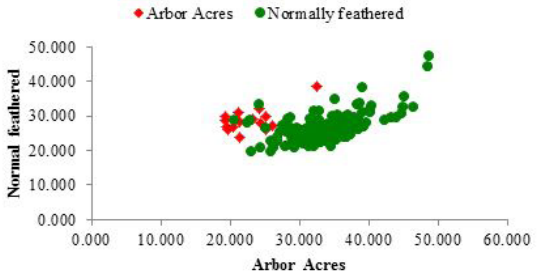


Figure 22: Introgression between normal feathered local chicken and Arbor Acres

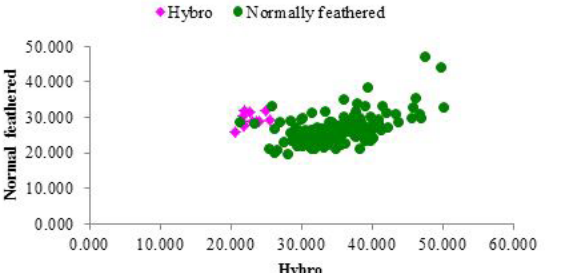


Figure 23: Introgression between normal feathered local chicken and Hybro

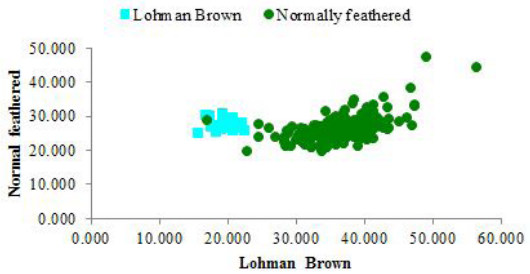


Figure 24: Introgression between normal feathered local chicken and Lohman Brown

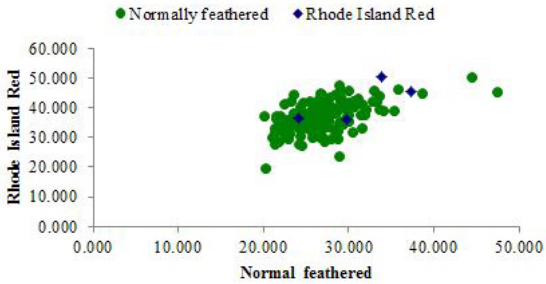


Figure 25: Introgression between normal feathered local chicken and Rhode Island Red

Based on Matrix of Nei and unbiased Nei genetic and identities distances, the dendrogram shown in Figure 2a and b was built to show the relationship between genetic types of local chicken in Cameroon and as compared with commercial broilers strains.

Whether from Nei genetic and identities distances with or without bias, the shapes of the trees are the same. The genetic types of local chicken find themselves at intermediate position relative to commercial broilers and layers strains. Within the group of Cameroon local chickens, it is noticed that the Frizzle local chicken is a much more remote sub-group of from other four genetic types, while the feathered tarsus and normal feathered chicken are much closer one to the other.

Assignment of individuals to groups and introgression between different genetic types of local and exotic chicken

Figures 4 and 5 illustrate a principal components analysis at two dimensions of introgression and a factorial analysis based on molecular data between all genetic types of local chicken and exotic strains.

It follows that the populations of broilers and layers chicken are clearly distinguishable from each other, unlike the different phenotypic types of local chickens. Furthermore each genetic type of local chicken has variable levels of introgression with the various exotic broilers and layers strains. Introgression between local chicken and exotic strains could be explained either by a genetic approximation due to haplotype relationship, or Uncontrolled crossings out on farms.

Figures 6-25 illustrate different levels of introgression between the different genetic types of local chicken from Cameroon and the main commercial broiler and layer strains exploited in the country.

It generally appears that crested chicken fully differs from Lohmam Brown strain and comes closest to the Rhode Island Red. Moreover, it has almost similar levels of introgression with Arbor Acres and Hybro. The same observation is made in relation to the local chicken and Frizzle local chicken bare neck. on the contrary, , local and feathered tarsus absolutely distinguished both of commercial strains Lohman Brown and Hybro, has low introgression with Arbor Acres and medium with Rhode Island Red. The local normal feathered chicken, although differing from exotic strains presents various introgression levels ranging from low (Lohman Brown) to medium (Arbor Acres and Hybro) and high (Rhode Island Red).

Table 9 summarizes the proportion of self-assignment of groups of genetic types of local chicken and commercial broilers and layers strains exploited in Cameroon.

Table 9 confirms the different levels of introgression between genetic types of local chicken and exotic strains. Thus, only 35% of the genome of birds present in Cameroon can be considered as pure or specific to the respective strains, the remaining 65% consisting of a mixture of several strains.

Discussion

The genetic diversity and relationship between five types of local chickens in Cameroon and four exotic broilers and layers strains was investigated on the basis of genotyping 25 microsatellite loci.

For all the genetic types and strains, 94.22% of loci were polymorphic. This result is consistent with the 95% reported by Granevitze et al. (2007). The frequencies observed and expected heterozygosity and their variation ranges are high in comparison to other work. The frequency of heterozygotes, which reflect the genetic diversity between groups seems to be low in chickens as compared to other livestock species such as pigs (0.74 Behl et al. 2006), fish (0.65 , Rutten et al. 2004), cattle (0.52, Sodhi et al. 2005) and in humans (0.72, Ayub *et al.,* 2003). Segregation analysis including analysis of molecular variance, dendrograms, principal component analysis, factorial analysis and illustrations of introgression levels revealed the existence of variability among genetic types of local chickens and with exotic strains. As reported by Msoffe et al. (2005), the different levels of introgression between the Cameroon chicken groups, probably due to the random crossing phenomenon, are the cause of an exchange of genetic material between local chickens and exotic strains. Furthermore, the presence of local genes in exotic chicken would be due to their common ancestral origin.

Conclusion

This study established the evidence of the existence of divergence between genetic types of local chicken and commercial strains. This other study provides additional information for decision-making regarding the modalities of decision making for selective breeding without compromising the uniqueness of every single resource.

Acknowledgements

We gratefully acknowledge the financial support provided to the Biosciences eastern and central Africa Hub-the International Livestock Research Institute (BecA-ILRIHub) by the Australian Agency for International Development (AusAID) through a partnership between Australia's Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO) and the BecA-ILRI Hub and by the Syngenta Foundation for Sustainable Agriculture (SFSA); the Bill and Melinda Gates Foundation (BMGF) and the Swedish Ministry of Foreign Affairs through the Swedish International Development Agency (Sida), which made this work possible. We sincerely thank the farmers who participated in the project, Tsafack Antoine and Denis from the livestock extension services who actively contributein sample collection in zones 3 and 4.

References

Ayub Q., Mansoor Q., Ismail M., 2003. Reconstruction of human evolutionary tree using polymorphic autosomal micro-satellites. Am. J. Phys. Anthr. 122,259–68.

Behl R., Sheoran N., Behl J. & Vijh R.K., 2006. Genetic analysis of Ankamali pigs of India using microsatellite markers and their comparison with other domesticated Indian pig types. J. Anim. Breed. Gen. 123,131–5.

Dent Earl A. and Bridgett vonHoldt M. (2011) STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genetics Resources DOI: 10.1007/s12686-011-9548-7. Core version: vA.1 March 2012. Web version: v0.6.92 March 2012.

Evanno G., Regnault S. and Goudet J., 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology, 14, 2611-2620.

FAO, 2011. Draft guidelines on molecular genetic characterization of animal genetic resources. Commission on genetic resources for food and agriculture, Thirteenth Regular Session, Rme 18-21 July 2011. 67p.

Felsenstein J., 1995. PHYLIP: phylogeny inference package. Version 3.57c. University of Washington, Seattle.

Fotsa J.C. et Poné K.D., 2001. Etude de quelques caractéristiques morphologiques des poulets locaux du Nord-Ouest Cameroun. Bul. RIDAF Vol.11 N°2, juillet-décembre 2001 pp 13-20.

Fotsa J.C., Rognon X., Tixier-Boichard M., Coquerelle G., Pone Kamdem D., Ngou Ngoupayou J.D., Manjeli Y. and Bordas A., 2010. Caractérisation phénotypique des populations de poules locales (Gallus gallus) de la zone forestière dense humide à pluviométrie bimodale du Cameroun. Anim. Gen. Res. 46 :49-59.

Granevitze Z. Hillel J. Chen G.H., Cuc N.T.K., Feldman M., Eding H. and Weigend S., 2007. Genetic diversity within chicken populations from different continents and management histories. Anim. Gen., 38, 576–583.

Hako Touko B.A., Manjeli Y., Awah-Ndukum J., Keambou T.C., 2009. Influence du type génétique et du sexe sur les paramètres hématologiques et la viabilité de la poule locale Camerounaise (Gallus domesticus). Liv. Res. Rural Dev. Vol. 21, Art. #199. http://www.lrrd.org/lrrd21/11/hako21199.htm .

Hako Touko B.A., Manjeli Y., Téguia A. et Tchoumboué J., 2009. Evaluation et prédiction de l'effet du type génétique sur l'évolution du poids vif de la poule locale camerounaise (Gallus domesticus). Livest. Res. Rural Dev. Vol. 21, Art. #31. http://www.lrrd.org/lrrd21/3/hako21031.htm

Haoua M.T., 2011. Morphobiometrical and production system characterization of indigenous chicken populations in the Sudano-sahelian zone of Cameroon. Thèse de Master of Science, Université de Dschang.

Keambou T.C., 2006. Caractères morphologiques, mensurations corporelles et diversité phylogénétique de la poule locale (Gallus gallus) des hautes terres de l'Ouest Cameroun. Thèse de Master of Science, Université de Dschang-Cameroun, pp 69.

Keambou T.C., Manjeli Y., Tchoumboue J., Teguia A. et Iroume R.N., 2007. Caractérisation morphobiométrique des ressources génétiques de poules locales des hautes terres de l'ouest Cameroun. Liv. Res. Rur. Dev. Vol. 19, Article #107., 2007, http://www.cipav.org.co/lrrd/lrrd19/8/keam19107.htm .

Keambou T C, Hako B A, Bembide C, Ngono Emma P J, Manjeli Y. 2013. Effect of genetic type and sex on reproductive, growth, survival performance and thermal tolerance index of the local chicken (Gallus gallus) of the western highlands of Cameroon. International Journal of Poultry Science 12 (2): 80-89, 2013. ISSN 1682-8356. Asian Network for Scientific Information

Msoffe P.L.M., Mtambo M.M.A., Minga U.M., Juul-Madsen H.R. and Wakisa P.S., 2005. Genetic structure among the local chicken ecotypes of Tanzania based on microsatellite DNA typing. Afr. J. Biotech. Vol. 4 (8), pp. 768-771. Available online at http://www.academicjournals.org/AJB.

Nei M., 1972. Genetic distance between populations. Anim. Nat. 106: 283-292.

Pamo Etienne (2008) Cameroon, country pasture, forage resources profile. FAO, 52p.

Peakall R. and Smouse P.E., 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology Notes. 6, 288-295.

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

Rutten M.J.M., Komen H., Deerenberg R.M., Siwek M. & Bovenhuis H., 2004. Genetic characterization of four strains of Nile tilapia (Oreochromis niloticus L.) using microsatellite markers. Anim. Gen. 35, 93–7.

Smith L.M., Burgoyne L.A., 2004. Collecting, archiving and processing DNA from wildlife samples using FTA databasing paper. BMC Ecology, 4:4, http://www.biomedcentral.com/1475-6785/4/4 .

Sodhi M., Mukesh M., Mishra B.P., Prakash B., Ahlawat S.P.S. and Mitkari K.R., 2005. Evaluation of genetic differentiation in *Bos indicus* cattle breeds from Marathwada region of India using microsatellite polymorphism. Anim. Biotech. 16, 127–37.

EFFECTS OF BODY WEIGHT AND CONDITION CHANGES AFTER PARTURITION ON THE REPRODUCTIVE PERFORMANCE OF SAHIWAL AND FRIESIAN CATTLE

Indetie D[1]*, Musalia L[2], Bebe B[2], Wathuta E[2], Indetie A[1], Kinywa J[1] and Lukibisi F[1]
[1]Kenya Agricultural Research Institute, Lanet Research Center, P.O. Box 3840, Nakuru, Kenya;
[2]Egerton University, P.O. Box 536, Njoro, Kenya

Abstract

Nutrition has a profound influence on reproductive performance after parturition. Cows are in a typical state of negative energy balance, because nutritional requirements for milk production and maintenance of body function exceed that ingested from the feed. This is reflected by changes in body weight and condition postpartum which influence resumption of ovarian activity. The study objectives were to assess weight and body condition changes after parturition and their influence on reproductive performance of Sahiwal and Friesian lactating cows. Forty in-calf cows comprising 20 Friesians and Sahiwals were selected and upon calving, observed for 24 weeks postpartum. Parameters recorded were weekly live weight and body condition scores postpartum while reproductive attributes included days to commencement of luteal activity and insemination. Data were analyzed using GLM of SAS. There were breed differences in weight of cows at the start of the experiment with Friesians being heavier than Sahiwals. Friesians lost a mean of 31.2 Kg from calving to commencement of luteal activity which occurred 10 weeks postpartum and improved from this loss to register a deficit of 11.3 kg at insemination which occurred 14 weeks after calving while the Sahiwals lost a mean of 27 kg after 6 weeks postpartum at commencement of luteal activity and a further 8 kg to insemination occurring 10 weeks after calving. The mean weight loss for Friesians from calving to commencement of luteal activity was 0.45 kg/day while that of Sahiwals was 0.64 kg/day. The relative weight loss was 6 and 7% for Friesians and Sahiwals respectively. The mean body condition loss for the two breeds showed Sahiwals lost less body condition at commencement of luteal activity than Friesians (-0.19 vs -0.33) and resumed cyclicity earlier than Friesians which had better recovery rates from weight and body condition depression postpartum. This shows that Friesians lose weight rapidly and quickly recover at time of insemination while the weight loss for the Sahiwals is gradual and takes longer to recover. Friesians showed weight recovery after 15 weeks postpartum and this is when insemination occurred, while the nadir of weight depression occurred between weeks 5 and 7 postpartum and coincided with peak milk production. In both breeds insemination occurred 4 weeks after commencement of luteal activities. The Sahiwal depression was gradual and the recovery trends were not so clear-cut. The mean body weight at calving for Friesians inseminated and calved was 427kg compared with those that did not calve averaging 451kg while Sahiwals that calved had a mean weight of 381kg compared to those that didn't averaging 389kg. This is an indication that heavier cows had difficulty in conceiving. There was a positive association between body weight and condition scores postpartum in Sahiwals while Friesians exhibited a negative association, due to the differences in adaptation to negative energy balance after parturition for the two breeds.

EFFETS DU POIDS VIF CORPOREL ET DES CONDITIONS CLIMATIQUES APRÈS PARTURITION SUR LA PERFORMANCE REPRODUCTIVE DES BOVINS SAHIWAL ET FRISONS

Resume

La nutrition a une profonde influence sur la performance reproductive après la parturition. Les vaches sont dans un état typique de bilan énergétique négatif, car les besoins nutritionnels pour la production de lait et le maintien de la fonction corporelle dépassent les quantités d'aliments ingérés. Ceci se traduit par des changements du poids corporel et de l'état postpartum, lesquels changements influencent la reprise

*Corresponding author email: indetiedouglas@gmail.com

de l'activité ovarienne. Les objectifs de l'étude étaient d'évaluer les changements de poids et de l'état du corps après la parturition et leur influence sur la performance reproductive des vaches frisonnes et sahiwal en lactation. Quarante vaches pleines comprenant 20 frisonnes et sahiwal ont été sélectionnées, et après vêlage elles ont été observées pendant 24 semaines postpartum. Les paramètres enregistrés étaient des scores hebdomadaires du poids vif et de l'état corporel tandis que les attributs de reproduction post-partum comprenaient les jours précédant l'activité lutéale et l'insémination. Les données ont été analysées à l'aide de GLM de SAS. On a relevé des différences fondées sur la race concernant le poids des vaches au début de l'expérience, celui des frisonnes étant supérieur à celui des sahiwal. Les frisonnes ont perdu en moyenne 31,2 kg entre le vêlage et le début de l'activité lutéale à 10 semaines après le vêlage, ont repris du poids pour n'enregistrer qu'un déficit de 11,3 kg à l'insémination qui a eu lieu 14 semaines après le vêlage, tandis que les sahiwal ont perdu en moyenne 27 kg après 6 semaines post-partum au début de l'activité lutéale et 8 kg supplémentaires à l'insémination survenue 10 semaines après le vêlage. La perte de poids moyenne pour les frisonnes, entre le vêlage et le début de l'activité lutéale, était de 0,45 kg / jour tandis que pour les sahiwal elle était de 0,64 kg / jour. La perte de poids relative était de 6 et 7% respectivement pour les frisonnes et les sahiwal. L'analyse de la perte moyenne de poids pour les deux races a montré que les sahiwal avaient perdu moins de poids au début de l'activité lutéale par rapport aux frisonnes (-0,19 vs -0,33) et ont repris la cyclicité plus tôt que les frisonnes qui avaient de meilleurs taux de rétablissement du poids et de l'état corporel après la perte pondérale post-partum. Ceci montre que les frisonnes perdent du poids rapidement et le récupèrent rapidement avec l'insémination, tandis que la perte pondérale chez les sahiwal est progressive car ces animaux mettent davantage de temps pour se rétablir. La reprise du poids a montré un rétablissement du poids avec l'insémination 15 semaines après le vêlage, tandis que la plus forte perte de poids s'est produite entre 5 et 7 semaines post-partum et a coïncidé avec le pic de la production de lait. Chez les deux races, l'insémination a eu lieu 4 semaines après le début des activités lutéales. La perte de poids des vaches sahiwal était progressive et les tendances de rétablissement n'étaient pas nettes. Le poids corporel moyen au vêlage pour les frisonnes inséminées et qui avaient mis bas était de 427 kg par rapport à celles qui n'avaient pas vêlé avec une moyenne de 451kg, tandis que les Sahiwal qui avaient mis bas avaient un poids moyen de 381 kg par rapport à celles qui n'avaient pas vêlé qui n'ont pas atteint la moyenne de 389 kg. Ceci est une indication que les vaches plus lourdes avaient des difficultés à concevoir. Une association positive a été établie entre le poids corporel et l'état des scores post-partum chez les sahiwal tandis que l'association était négative chez les frisonnes, en raison des différences dans l'adaptation au bilan énergétique négatif après le vêlage pour les deux races.

Introduction

Energy intake of high yielding cows postpartum has been found to be less than half the energy required for production (Van Arendonk *et al.,* 1991), the shortfall must be met through mobilization of body tissue, thus appreciable bodyweight and condition loss is inevitable. Several studies on nutritional influence on body condition (BC) and its relationship to fertility have been reported. These included 'flushing' before mating to improve fertility and onset of puberty in heifers based on body size rather than age. In cycling heifers, severe restriction in energy intake can induce nutritional anoestrus when body weight decreases by 15% (Rhodes *et al.,* 1996). This is through the effects on morphological and functional parameters of follicle development such as size, growth rate and steroidogenic activity of the dominant follicles, however, the mechanisms of these effects are not well understood (Rhodes *et al.,* 1996).

In postpartum dairy cows, extent of negative energy balance and diets with different energy content have significant impact on population of ovarian follicles and functional competence of the dominant follicle (Gong, 2002). Loss of BC at time of insemination has been shown to influence conception, because cows with BCS of less than 3 at calving were less likely to be inseminated and BCS loss between calving and 45 days in milk was associated with more days open and delayed intervals to 1st insemination (Domecq *et al.,* 1999; Santos, *et al.,* 2009). The optimal BCS of cows at the end of lactation should be 3.25 – 3.75 (Studer, 1998). Energy balance during the dry period and early lactation as monitored by BCS is a better indicator of the likelihood

of conception at 1st service than other risk factors and regular body condition scoring of cows has been recommended as a means to evaluate the relative degree of energy balance (Heuer *et al.,* 1999).

There is a relationship between BCS and cows cycling by end of the elective waiting period. The levels and changes of BCS during the lactation period could affect the resumption of estrus cycle and reproductive success and is indicative of the metabolic status necessary to support production and resumption of estrus (Pryce *et al.,* 2001; Santos, *et al.,* 2009). As genetic merit for production increases, so does mobilization of body reserves creating a larger negative energy balance during early lactation. BCS has a negative genetic correlation with calving intervals of -0.40 and can be used for selection of fertility, with thinner cows, or cows in more negative energy balance, tending to have poorer fertility (Pryce *et al.,* 2000). The greatest change in BCS seems to be from calving to week 12 post calving (Pryce *et al.,* 2001). The objective of the study was therefore to asses live weight and body condition score changes after parturition on the reproductive performance of Sahiwal and Friesian lactating cows.

Materials and Methods

Forty multiparous cows from two research station herds comprising 20 Friesians and 20 Sahiwal cows were selected based on relative weight within breed, parity (between three and five) and pregnancy status. The cows were two months to parturition at the beginning of the experiment. They were grazed together on pasture leys of predominantly Rhodes grass and upon calving they were supplemented with concentrates based on their milk production ranging from one to four kg fed twice daily. The cows were observed from the time of calving up to 24 weeks (6 months) postpartum for estrus. Bodyweight and condition scores were measured weekly by the same practitioner during the experimental phase. These two parameters were observed, particularly at commencement of luteal activity (Wgtlac) and Insemination (Wgtins) and their respective changes (Wgt1 and Wgt2) from calving. Similarly body condition scores at calving (Cowbn), at commencement of luteal activity (Bclac) and insemination (Bcins) and their respective changes (Bccan1and Bccan2) were recorded during this period. Other cow parameters recorded included date of calving, age and weight at calving, breed, and daily milk yield (summed for the week).

The cows were observed for behavioral signs of estrus and served using artificial insemination (AI) by two AI practitioners using locally processed Friesian or Sahiwal semen. Cows observed on heat in the morning were served in the afternoon while those exhibiting heat in the later part of the afternoon were served the following morning. The cows were inseminated up to four times, after which they were considered open.

Reproductive data included: days from calving to beginning of luteal activity (Dlac) as determined by progesterone profiles (≥ 3ng/ml) and days to first service (Dins). After insemination, the cows were monitored for return to heat. Pregnancy diagnosis was done by rectal palpation 90 days after insemination and confirmed by progesterone profiles. Conception rates were determined as the proportion of cows bred that became pregnant after AI.

Blood samples were collected bi-weekly (20 ml) from each cow for 6 months after calving via jugular venipuncture using tubes containing ethylenediaminetetra-acetate (EDTA) at the rate of 1.8 mg/ml as an anticoagulant for plasma collection. Samples were centrifuged for 15 min at 1600 rev/min to separate the plasma from the solid blood components. The plasma was then pippetted into 2 ml plastic vials and stored at -20oC after which progesterone was determined using radioimmunoassay with 125Iodine as the tracer (FAO/IAEA, 1999).

The data were analyzed using the SAS program package release 8.2 (SAS, 2001). Analysis of variance was performed using the GLM procedure of SAS. Differences were considered to be significant if $P \leq 0.05$. Data

are presented as means ± SEM. Third degree polynomials were fitted onto body weight and condition scores by week to determine trends of their changes overtime.

Pearson's correlations were derived postpartum for cow body weights and condition scores and their changes at calving, commencement of luteal activity and at insemination to determine the association between these variables and their relative change as lactation progressed.

Results and Discussions

It was observed that from calving the Sahiwal cow's lost weight and body condition as indicated in Figure 1 and 2 below. The depression in body condition continued until a nadir in week 7 postpartum (Figure 1) and then began to recover until week 16 postpartum from the effects of parturition and lactation. However, body weight (Figure 2) continued to drop past 25 weeks postpartum, this is strange considering that they were not producing much milk to compromise recovery from parturition and lactation. It would appear that body condition changes for Sahiwal were not in tandem with weight changes in this experiment. These findings are similar to those of Okantah, *et al.,* (2005) who found body weight and condition losses in Sanga cattle during early lactation leading to extended anoestrus and is a reflection of negative energy balance (Roche, *et al.,* 2007).

Compared to Friesians the BCS and weight patterns were similar with both nadirs occurring at week 6 and coincided with peak milk production. Full recovery was realized at week 15 postpartum for both measures (Figure 3 and 4). However, as the recovery phase progressed luteal activity commenced at week 10 followed by ovulation at week 14 postpartum leading to insemination. This could be attributed to the reduced nutritional demands for lactation as lactation persistence progressed, thus availing the ingested nutrients to be channeled for resumption of oestrus. This is similar to the findings of Chagas, *et al.,* (2007) who reported a nadir for BCS, 50 days

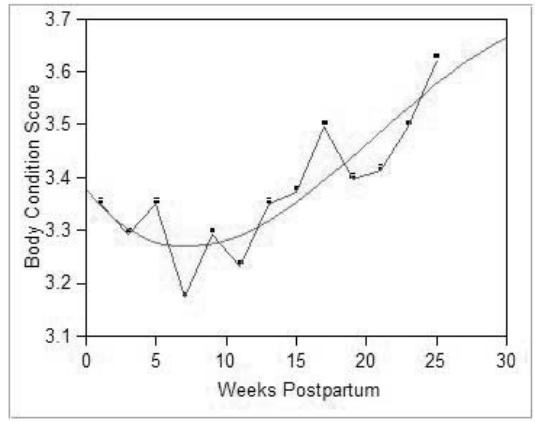


Figure 1: Postpartum BCS for Sahiwal Cows

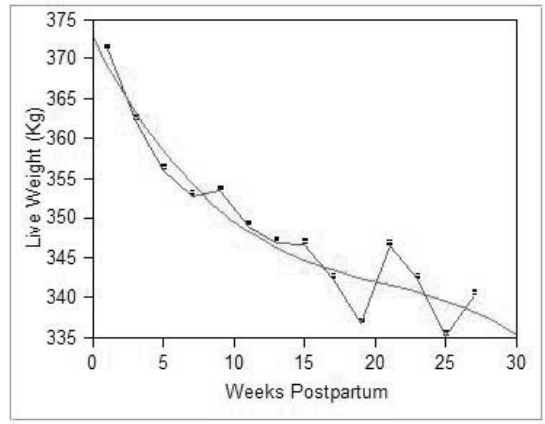


Figure 2: Postpartum Weights for Sahiwal Cows

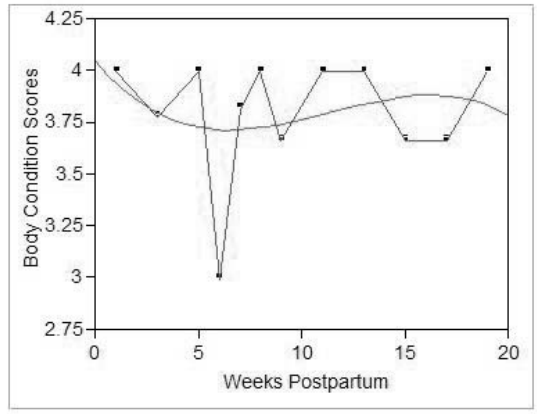


Figure 3: Postpartum BCS for Friesian Cows

Table 1: Weight and BCS Changes to Commencement of Luteal Activity and Insemination

Breed	Change in BC at Start of Luteal Activity	Change in BC at Insemination	Change in Weight at Start of Luteal Activity (kg)	Change in Weight at Insemination (Kg)
Friesian	-0.33 (68)*	-0.4 (98)	-31.2	-11.43
Sahiwal	-0.19 (42)	-0.5 (73)	-26.8	-34.93
All	-0.26	-0.43	-28.9	-23.2

**Numbers in Parenthesis are days to event*

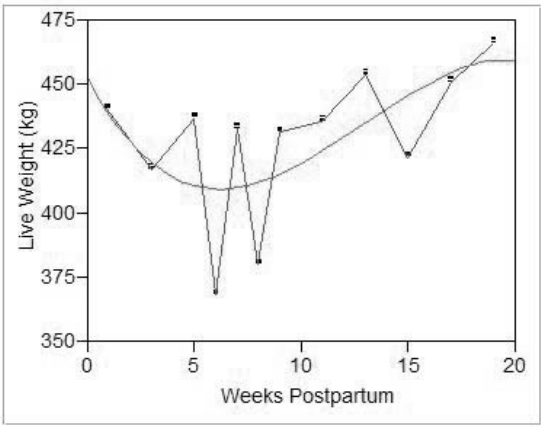


Figure 4: Postpartum Weights for Friesian Cows

postpartum in Friesian cattle but at divergence with that reported by Obese, *et al.,* (1999) who found that only 60% of Sanga cattle get into ovulation by day 120 postpartum and could be attributed to the feeding regime for these cows which were fed on pasture alone as compared to the cows in this experiment which were supplemented. This is because of the increased nutrient requirements to support lactation which may not be met by sufficient nutrient intake, therefore causing mobilization of stored body fat reserves as reflected by the depression of body weight and condition during early lactation.

This shows that Friesians bodyweight and body condition changes are highly related unlike those of the Sahiwals which behave to the contrary (Figure 2). It could be postulated that the body condition scores of Friesians and Sahiwals are better indicators of metabolic status compared to body weight (Obese, *et al.,* 1999).

It was further observed that Friesians lost a mean of 31.2 Kg (Table 1) from calving to commencement of luteal activity after 68 days (10 weeks) and improved from this loss to register a deficit of 11.3 kg at insemination which occurred 98 days (14 weeks) after calving while the Sahiwals lost a mean of 26.8 kg after 42 days (6 weeks) postpartum and a further 8 kg to insemination occurring 73 days (10 weeks) after calving (Table 1). The mean body weight loss for Friesians from calving to commencement of luteal activity was 0.45 kg per day while that of Sahiwals was 0.64 kg per day. This weight loss as a proportion of weight at calving was 6% and 7% for Friesians and Sahiwals respectively. However, at insemination the weight loss for Friesians reduced to 1.8% while for the Sahiwals increased to 8%. The mean weight loss postpartum averaged 0.53kg per day for both breeds. These findings are similar to those reported by Gutierrez, *et al.,* (2006) who reported a weight change of 0.56kg per day after parturition for Friesian cattle.

The mean loss in body weight and condition scores for the two breeds shows that Sahiwals lost less weight and condition at commencement of luteal activity than the Friesians (Table 1). They also got into reproduction earlier by showing commencement of luteal activity at 6 weeks with subsequent insemination at 10 weeks postpartum compared to Friesians which showed commencement of luteal activity at 10 weeks with inseminations occurring at 14 weeks postpartum. The resumption of ovarian activities in both breeds is much earlier than that reported by Obbesse, *et al.,* (1999) who found an interval of 101.3 days in Sanga cattle in Ghana. It was further observed that ovulation occurred 4 weeks after commencement of luteal activity in both breeds.

Table 2: Mean±SD of Days to Commencement of Luteal Activity and Insemination of Cows

Non Calving	Breed	N	Dlac*	Dins*	Bcon*	Weight
Non	F	10	74.8±10.6[a]	121.5±40.9[a]	3.8±0.4	451.4±54.9[a]
Non	S	9	42.0±6.6[b]	75.7±18.8[b]	3.6±0.5	389.5±26.2[b]
All		19	58.4±7.2	96.8±21.5	3.7±0.5	422.1±53.1
Calved						
Yes	F	6	57.4±8.8[a]	70.6±28.2[a]	4.5±0.6[a]	427.3±31.7[a]
Yes	S	8	43.1±9.6[b]	70.4±13.5[a]	3.25±0.5[b]	381.5±21.3[b]
All		14	49.1±6.8	70.5±13.4	3.7±0.8	401±34.3

Superscript within column per category show significant differences p<0.05
**Dlac Days to commencement of luteal activity postpartum*
**Dins Days to first insemination*
**Bcon Body condition scores*

Table 3: Correlations Weight and Body Condition Measurements Postpartum for Sahiwals

	Wgt	WgtLac	Wgt2	WgtIns	Wgt3	CowBn	Bclac	BCCan1	Bcins	BCCan2
Wgt	1.00	0.93	-0.22	-0.27	-0.83	0.34	0.44	0.13	0.14	-0.19
WgtLac		1.00	0.15	-0.24	-0.76	0.45	0.53	0.09	0.28	-0.19
Wgt2			1.00	0.09	0.20	0.28	0.23	-0.11	0.35	0.02
WgtIns				1.00	0.77	-0.18	-0.35	-0.27	-0.07	0.10
Wgt3					1.00	-0.34	-0.49	-0.25	-0.14	0.19
CowBn						1.00	0.84	-0.36	0.29	-0.66
Bclac							1.00	0.21	0.41	-0.43
BCCan1								1.00	0.17	0.45
Bcins									1.00	0.52
BCCan2										1.00

From this study, there was an indication that body condition scores and weight changes during early lactation affects the resumption of luteal activity, however, body condition scores seam better indicators of the metabolic status as influences resumption of oestrus postpartum. It can be concluded that body condition scores as indicators of metabolic status influences the resumption of luteal activity differently in the two breeds. These findings are similar to those found by Banos *et al.,* (2006) who showed a cumulative energy balance decreases up to week 7 postpartum and increased thereafter. However, energy stores during gestation, calving and early lactation affect the length of postpartum anoestrus interval and the likelihood of a successful pregnancy (Roche *et al.,* 2007).

The Sahiwal body weight depression was gradual and the recovery trends were not so clear-cut as compared to the Friesians. These trends for weight are contrary to those of mean body condition scores which were depressed up to week 6 postpartum before full recovery by week 15 and ovulation occurred by week 10 postpartum.

When the cows were categorized according to calving status it was observed that the mean body weight for Friesians that conceived and calved was 427±31.7 kg and took 8 weeks to initiate luteal activity and showed estrus for insemination averaging 10 weeks postpartum compared to those that didn't calve which averaged 451.4±54.9 kg and initiated luteal activity 10 weeks postpartum and ovulation was observed 17 weeks after

Table 4: Correlations Weight and Body Condition Measurements Postpartum for Friesians

	Wgt	**WgtLac**	**Wgt2**	**WgtIns**	**Wgt3**	**CowBn**	**Bclac**	**BCCan1**	**Bcins**	**BCCan2**
Wgt	1.00	-0.31	-0.82	-0.06	-0.76	-0.55	-0.71	-0.10	-0.30	0.54
WgtLac		1.00	0.79	0.67	0.66	0.13	0.23	0.11	0.65	0.45
Wgt2			1.00	0.44	0.88	0.43	0.59	0.13	0.58	-0.08
WgtIns				1.00	0.70	0.39	0.55	0.13	0.80	0.20
Wgt3					1.00	0.65	0.87	0.16	0.74	-0.26
CowBn						1.00	0.85	-0.53	0.76	-0.76
Bclac							1.00	0.00	0.65	-0.65
BCCan1								1.00	-0.41	0.41
Bcins									1.00	-0.17
BCCan2										1.00

parturition (Table 2). The trends for Sahiwals showed that those calving had a mean weight of 381.5±21.3 kg which is less than those that didn't calve which averaged 389.5±26.2 kg indicating that relatively lighter cows conceived better than their heavier counterparts. This shows that weight at insemination similarly influences conception in both breeds with heavier cows having difficulty in conception.

There was a significant negative association between weight at calving and body weight changes at commencement of luteal activity and insemination in both breeds, with Friesians exhibiting higher values (Table 3 and 4). This is an indication that weight at calving will influence the degree of weight loss post parturition with heavier cows having to shade more weight than lighter cows because of readily available adipose tissue that can be mobilized and channeled for milk production. This is in agreement with the findings of Garnsworthy, (2007), who found that heavier cows tend to lose more weight than lighter cows postpartum.

Body weight at calving was also positively associated with cow body condition and the changes in condition observed postpartum for Sahiwals (Table 3), however, these observations were contrary for the Friesians (Table 4). This was an indication that heavier cows tend to lose less condition in early lactation for Sahiwals, while heavier Friesians lose more condition postpartum by availing more adipose for mobilization for milk synthesis. Thus there are breed differences between associations of body weight and condition because of the differences on nutrient partitioning (Collard, *et al.,* 2000)

In general, the association between body weight and change in condition scores postpartum decreases as lactation progresses in Sahiwals (Table 3), while that of Friesians increases with advancement of lactation (Table 4), this could be due to breed differences in heamorhesis with Friesian condition being more associated with milk production as lactation progresses while Sahiwals do not change condition with progression in lactation.

There was a strong positive association between body condition scores at calving and at commencement of luteal activity in both breeds (r2=85) and this relationship is extended to time of insemination (Table 3 and 4). This shows that cows in good body condition at calving will have relatively good condition at commencement of luteal activity and insemination and vice versa i.e. they lose condition proportionate to that at calving. This type of association tends to mitigate the effects of negative energy balance postpartum and is conducive in promoting early conception. This agrees with the findings of Garnsworthy, (2007) who found a correlation of r2=0.82 and is influenced by genetic merit.

However, the association for body condition score at calving and subsequent changes

at commencement of lutaeal activity and insemination are highly negative in both breeds (Table 3 and 4). This is an indication that the rate of loss in condition increases for cows calving in good condition relative to those in poor body condition (Garnsworthy, 2007).

Acknowledgements

I wish to sincerely thank the Director, Kenya Agricultural Research Institute for supporting me during this study and Dr. Muhuyi for facilitating the experiments. Sincere gratitude is extended to IAEA through project AFRAA RAF5054 which supplied reagents and equipment to allow this study to run to completion.

References

Association of Official Analytical Chemists (AOAC). 1995. Official Methods of Analysis 16th Edn. Association of Official Analytical Chemists, Washington, D.C.

Chagas, L.M., Bass, J.J., Blache, D., Burke, C.R. Kay, J.K., Lindsay, D.R., Lucy, M.C., Martin, G.B., Meler, S., Rhodes, F.M., Roche, J.R., Thatcher, W.W. and Webb, R. (2007). New perspectives on the roles of nutrition and metabolic priorities in the subfertility of high producing dairy cows. J. Dairy Sci. 90:4022-4032.

Collard, B.L., Boetcher, P., Dekkers, J.C., Petitclerc and Sheaeffer, R. (2000). Relationship between energy balance and health traits of dairy cattle in early lactation. J. Dairy Sci. 83:2683-2690.

Domecq, J. J., Skidmore A. I., Lloyd J. W. and Kaneene J. (1999). Relationship between body condition scores and conception at 1st artificial insemination in a large dairy herd of high yielding Holstein cows. Journal of Dairy Science, 80:113 –120.

Food and Agriculture Organization of the United Nations/International Atomic Energy Agency (FAO/IAEA). 1999. "Self Coating" Milk Progesterone Radioimmoassay (RIA). Bench Protocol Version – Sc RIA 3.1 February. IAEA, Vienna.

Gong, J. G., Lee, W. J., Garnsworthy, P.C., Webb, R. (2002) Effect of dietary induced increases in circulating insulin concentration during the early postpartum period on reproductive function in dairy cows . Reproduction 123:419-427.

Obese, F.Y., Okantah, S.A., Oddoye, E.O. and Gyawu, P. (1999). Post-partumreproductive performance of Sanga cattle in small holder peri-urban dairy herds in the Accra plains of Ghana. Tropical Animal Health and Production. 31:181-190.

Okantah, S.A., Obese, F.Y., Oddoye, E.O., Karikari, P.K., Gyawu, P. and Byant, M.J. (2005). The effect of farm (herd) and season of calving on the reproductive performance of Sanga cows in small holder peri-urban dairy farms in the Accra plains. Ghana journal of Agricultural Sciences. (NARS Edition 1). pp36-42

Heuer, C., Schukken, Y. H. and Dobbelaar, P. (1999). Postpurtum body condition score and results from the 1st test day milk as predictors of disease, fertility, yield and culling in commercial dairy herds. Journal of Dairy Science, 82: 295 – 304.

Pryce, J., Coffey, P. M and Simm, G. (2001). The relationship between body condition score and reproductive performance. Journal of Dairy Science, 84:1508-1515.

Pryce, J., Coffey, P. M. and Brotherstone, S. (2000). The genetic relationship between calving interval, body condition score and linear type and management traits in registered Holsteins. Journal Dairy Science, 83:2664-2671.

Roche, J.R., Macdonald, K.A., Burke, C.R., Lee, J.M. and Berry, D.P. (2007). Association among body condition score, body weight and reproductive performance in seasonal calving dairy cattle. J. Dairy Sci. 90:376-391.

Rhodes, F. M., Entwistle, K. W. and Kinder, J. E. (1996). Changes in ovarian function and gonadotropin secretion preceding the onset of nutritionally induced anoestrus in *bos indicus* heifers. Biology of Reproduction, 55:1437-1443.

Santos, J.P., Rutigliano, H.M. and Sà Filho M.F. (2009). Risk factors for resumption of postpartum estrous cycles and embryonic survival in lactating dairy cows. Animal Production Science. 110:207-221.

Studer, E. (1998). A veterinary perspective of on-farm evaluation of nutrition and reproduction.

Journal of Dairy Science, 81:872 – 876.

Van Arendonk, J., Nieuwhof, G., Vos, H. and Korver, S. (1991). Genetic aspects of fed intake and efficiency in lactating dairy heifers. Livestock Production Science, 29:263-275.

EXPERIMENTALLY INDUCED SECONDARY CRYPTORCHIDISM: EFFECTS ON GROWTH PERFORMANCE OF DJALLONKÉ LAMBS – A SHORT COMMUNICATION

Addah, W. and Torkornoo, J. E. E.
Department of Animal Science, University for Development Studies, P. O. Box TL1882, Tamale, Ghana

Abstract

Cryptorchidism may interfere with spermatogenesis but not the functions of the Leydig cells. This study investigated the effects of induced Secondary cryptorchidism growth performance of Djallonké lambs. A total of eighteen Djallonké lambs were assigned randomly to one of six treatments in a 2 × 3 factorial arrangement of treatments with age (1, 2 and 3 months) and testicular condition (entire or cryptorchid) of lambs as the main factors. This resulted in three replicate lambs per treatment. Data was analyzed by the MIXED procedure of SAS for the main effects testicular condition and age, and their possible interactions. Average daily gain was greater (P = 0.011) for lambs aged 2 months than those aged 1 and 3 months at beginning of the study. The problems of healing and recovery from the wounds caused by cryptorchidism may have retarded the growth of cryptorchid lambs. There are therefore no additional benefits to secondary cryptorchidism in Djallonké lambs except in probable improvement in docility.

Key words: Djallonké lambs, growth performance, induced secondary cryptorchidism,

EFFETS DE LA CRYPTORCHIDIE SECONDAIRE INDUITE EXPÉRIMENTALEMENT : EFFETS SUR LA PERFORMANCE DE CROISSANCE DES AGNEAUX DJALLONKÉ : UNE COMMUNICATION SUCCINCTE

Résumé

La cryptorchidie peut interférer avec la spermatogenèse, mais elle n'affecte pas les fonctions des cellules de Leydig. La présente étude a examiné les effets de la cryptorchidie secondaire induite expérimentalement sur la performance de croissance des agneaux Djallonké. Au total, dix-huit agneaux Djallonké ont été répartis de manière aléatoire à six traitements, selon un dispositif factoriel 2 × 3, les principaux facteurs étant l'âge (1, 2 et 3 mois) et l'état des testicules (entier ou cryptorchide) des agneaux. Ce dispositif a abouti à trois répétitions d'agneaux par traitement. Les données ont été analysées en suivant la procédure MIXED de SAS pour détecter les principaux effets de la cryptorchidie sur l'état des testicules et l'âge, et leurs interactions éventuelles. Le gain quotidien moyen était plus élevé (P = 0,011) pour les agneaux âgés de 2 mois par rapport à ceux âgés de 1 et 3 mois au début de l'étude. Les problèmes de guérison et de rétablissement par rapport aux plaies causées par la cryptorchidie peuvent avoir retardé la croissance des agneaux cryptorchides. La cryptorchidie secondaire ne présente donc pas d'avantages supplémentaires chez les agneaux Djallonké, sauf pour une éventuelle amélioration de la docilité.

Mots-clés : agneaux Djallonké, performance de croissance, cryptorchidie secondaire induite

Introduction

Cryptorchidism is a testicular condition associated with failure of one or both testicles to descend into the scrotum and may be caused by a recessive gene, although it is sometimes linked with the polled trait. This condition occurs in all mammal species and may also be caused by hormonal deficiency or anatomical obstruction in the inguinal canal that prevents the testes from descending into the scrotum (Radostits *et al.,* 1994). Experimental cryptorchidism can be induced in two ways, either by preventing testes descent (primary cryptorchidism) or returning the descended testes to the abdomen (secondary cryptorchidism). Experimentally induced secondary cryptorchidism involves placing an elastrator rubber band around the scrotum after pushing the testes into the abdomen through the inguinal canal or closer and against the abdomen, so that the temperature of the animal's body will impair fertility. The effects of experimental cryptorchidism may however be influenced by age of the animal used. This was evidenced in studies involving rats; effects of cryptorchidism on testis weight and androgen secretion were greater in immature compared to matured rats (Ander and Bergh, 1989).

Cryptorchidism renders the animal both docile and infertile but does not greatly influence the level of circulating androgen because the function of the Leydig cells is not markedly suppressed by the high temperature of the abdomen as the Leydig cells continue to secrete testosterone, albeit at a decreased rate, and libido does not decline. The higher temperature of the body is sufficient to impair spermatogenesis but does not markedly interfere with testosterone production by the Leydig cells. It is against this background that this study sought to assess the effect of experimentally inducing secondary cryptorchidism on growth performance of Djallonké lambs.

Materials and Methods

Experimental design and induction of cryptorchidism

A total of eighteen Djallonké lambs were assigned randomly to one of six treatments in a 2 × 3 factorial arrangement of treatments with age (1, 2 and 3 months) and testicular condition (entire or cryptorchid) as the main factors. This resulted in three replicate lambs per treatment.

Testicular conditions included entire pendulous testes and induced secondary cryptorchidism of the testes. Cryptorchidism was induced by pushing the testes into or closer to the abdomen and tying (crimping) it with three elastrator rubber bands as high as possible on the scrotum, distal to the testes. After crimping, both cryptorchid and entire lambs were confined in wooden cages (2.5 × 3.5 m) for three days before being released unto native pasture. Confined lambs were fed Gliricidia sepium and supplemented with whole cotton seed; upon return from grazing at about 05:00, the entire flock was supplemented with whole cotton seed ad libitum. Ablation of the void scrotal gubernaculum testis (scrotal ligament) occurred after 2-4 weeks. Prior to tying the scrotal sac, the area was sanitized with alcohol (100%). Following ablation, wounds that were not healed naturally were treated with triarylmethane dye (gentian violet).

Statistical Analysis

Data analyses were conducted by the MIXED procedure of Statistical Analysis System (SAS) Institute Inc., Cary, NC. Growth performance (weight gain, average daily) were analyzed for the fixed effects of testicular condition (entire vs cryptorchid) and age (1, 2 or 3 months) and their possible interaction in a 2 × 3 arrangement of treatments with lambs assigned to treatments completely at random and lamb as the experimental unit in the statistical model below:

$$Yij = \mu + Ti + Aj + AJij + eijk$$

where Yij is the observation (weight gain, ADG); μ is the overall mean effect; Ti is the effect of

testicular condition (i = 1-2); Aj is the effect of age (j = 1-3); TAij is the interaction between testicular condition and age(i × j = 1-6) and eijk is the residual error effect.

Differences in least–square means were declared significant at $P \leq 0.05$ and trends were discussed at $0.10 \leq P \geq 0.05$.

Results and Discussion

Pushing the testes into the abdomen through the inguinal canal was not successful as most testicles could be found lying in the inguinal region (Fig 1a). In the present study, induction of cryptorchidism by this method was successful; the void scrotal sac was atrophied (Fig. 1a) and complete ablation occurred after ~3 weeks (Fig. 1b and 1c) but growth performance was not improved significantly. In lambs aged 1 to 2 month, pushing the testes into the body cavity and applying a rubber ring to cause atrophy of the empty scrotum, did not prevent most testes growing in a subcutaneous position but growth performance was improved by 6% (Corbett *et al.,* 1973).

Regardless of testicular condition, weight gain and average daily were greater ($P = 0.011$) for lambs that were 2 months old than for those that were 1 and 3 months at the beginning of the study. Even though there was no interaction between testicular condition and age, the improved growth performance of lambs aged at 2 months could be attributed to performance of cryptorchids aged 2 months old since entire lambs aged 3 months old actually lost weight (Table 1). It appears recovery of younger (1 month) and older (3 month) lambs was difficult compared to lambs that were in the medium age (2 months older) thereby accounting for the retarded growth performance of the lambs aged 1 and 3 months. One lamb, 1 month old, actually died two weeks after cryptorchidism was induced. Post-mortem examination indicated extensive infection of the severed area after complete ablation of the void scrotal sac. In rats, there is evidence that the effects of cryptorchidism on androgen secretion was greater in immature compared to matured rats (Ander and Bergh, 1989). The



Figure 1a: Induction of secondary cryptorchidism with an elastrator band. Arrow indicates position of elastrator band. Note atrophied void scrotal sac and location of testicles after crimping



Figure 1b: Near ablation of void scrotal sac. Arrow indicates near atrophy of scrotal sac

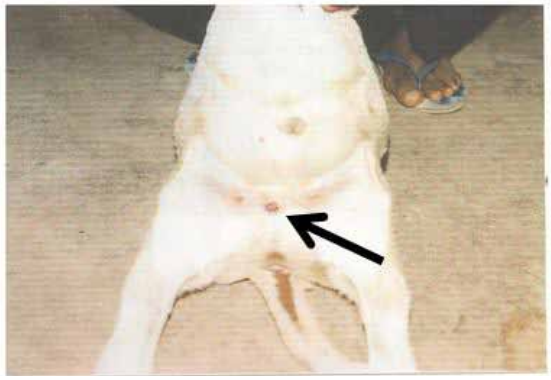


Figure 1c: Complete and successful ablation of void scrotal sac after 2-3 weeks. Arrow indicates atrophied area

Table 5: Effect of testicular condition (Entire vs cryptorchid lambs) and age (1, 2 or 3 months) on growth performance of Djallonké lambs

Item	Entire lambs			Cryptorchid lambs				P-value		
	1	2	3	1	2	3	SEM	TC	Age	TC × Age
Initial weight (kg)	5.43	9.53	7.10	5.50	6.00	10.95	1.612	0.915	0.094	0.070
Final weight (kg)	8.80	13.63	7.05	8.75	9.73	11.50	2.286	0.924	0.331	0.189
Weight gain (kg)	3.37	4.10	-0.05	3.25	3.73	0.55	1.028	0.989	0.011	0.909
Average daily gain (kg/d)	0.048	0.058	0.00	0.015	0.010	0.008	0.015	1.000	0.011	0.912

TC = testicular condition of lambs. Lambs were either left with their entire testes pendulous (Entire) or the testes were pushed closer to the abdomen and held in place with a plastic elastrator until the empty scrotal sac had atrophied and fallen off (Cryptorchid). Lambs were 1, 2 or 3 months old (Age).

similarity in growth performance between cryptorchid and entire lambs was expected given that under both conditions, testosterone secretion continues to occur and hence the anabolic effects of testosterone growth. In other studies, growth performance of lambs did not differ among entire, castrate or cryptorchid lambs because of higher levels of testosterone, produced by entires and cryptorchids (Sibanda *et al.,* 1989). Cryptorchidism may induce docility and infertility but does not markedly influence the level of circulating androgen because the high temperature of the abdomen does not affect the functions of the Leydig cells and secretion of testosterone continues albeit at a decreased rate. In cattle, the similarity in growth performance of entire and cryptorchid lambs compared to castrate lambs has been attributed to higher levels of androgens especially testosterone produced by entire and cryptorchid (Kiwanuka, 1987).

The additional care and management needed for cryptorchid lambs until complete healing of the atrophied scrotal sac suggest that there are no added benefits to inducing cryptorchidism in lambs compared with entire lambs. Whereas docility studies were not done in the present study, it has long been known that cryptorchids are more docile and produce heavier carcasses than entire males (Corbett *et al.,* 1973).

This study concludes that secondary cryptorchidism has no additional benefits compared to entire lambs.

References

Anders, R. and Bergh, J. 1989. Experimental models of cryptorchidism. In: The cryptorchid testes. T. O. Abney and B.A. Keel (Eds.). CRC Press. Boca. Raton, Florida p. 18.

Corbett, J. L., Furnival, E. P., Southcott, W. H., Park, R. J. and Shorthose, W. R. 1973. Induced cryptorchidism in lambs: effects on growth rate, carcass and meat characteristics

Kiwanuka, V. B. 1987. The effect of breed and sexual condition characteristics and composition of carcasses of cattle. MPhil Thesis. University of Zimbabwe, Harare, Zimbabwe.

Radostits, O. M., Blood, D. C. and Gay, C. C. 1994. Veterinary medicine: A textbook of the diseases of cattle, sheep, pigs, goats and horses. 8th edition. London. 1502 pp.

Sibanda, S., Kiwanuka, V. B. and Smith, T. 1989. Effects of sexual condition and dietary protein level on feedlot performance of lambs in Zimbabwe. Wilson R T and Azeb M (eds). African small ruminant research and development. ILCA, Addis Ababa, Ethiopia.

EFFECTS OF NUTRITIONAL SUPPLEMENTATION AND GENOTYPE ON MILK PRODUCTION AND FERTILITY OF LACTATING DAIRY CATTLE UNDER TROPICAL CONDITIONS

Indetie D[1], Musalia L[2], Bebe B[2], Wathuta E[1], Indetie A, Kinywa J[1]. and Lukibisi F[1].
[1]Kenya Agricultural Research Institute, P.O. Box 3840, Nakuru, Kenya;
[2]Egerton University, P.O. Box 536, Njoro, Kenya.

Abstract

The objective of this study was to determine effects of nutrition on milk production and fertility in lactating multiparous Friesian and Sahiwal cows. Forty in-calf cows comprising 20 Friesians and Sahiwals were selected and upon calving were randomly assigned to 5 dietary groups consisting of concentrate supplementation at the rate of 0, 1, 2, 3 and 4 kgs fed twice per day after grazing on pasture for 24 weeks postpartum. Each feeding level comprised 4 Friesians and 4 Sahiwals. Pastures and concentrates were analyzed using proximate analysis. Milk samples were collected weekly to determine composition using infrared spectroscopy while blood was collected bi-weekly to determine progesterone levels using radioimmunoassay. Parameters recorded included milk yield and composition (%fat, %protein, %solids not fat (SNF) and density. Reproductive data included days to beginning of luteal activity (progesterone >3nm/L) and days to 1st insemination. Data were analyzed by GLM of SAS. Feeding levels, breed by feeding levels, parity, weight of cow significantly affected milk yield. Heavier cows produced more milk with a mean increase of 0.2kg for each increase in weight. Feeding level 4 had the highest mean milk yield per week ($p<0.05$) in both breeds averaging 72.2±4.4 and 43.1±1.7 liters for Friesians and Sahiwals respectively. Breeds differed for days to peak milk production and peak milk yield with Friesians and Sahiwal cows averaging 31.6±6.0 and 42.2±3.8 days to reach peak milk yield, while peak milk yields were 79.5±5.9 and 58.4±2.7 liters respectively. Significant breed differences were also observed for %fat, protein, SNF and density of milk. Sahiwal exhibited better reproductive performance than Friesians. It was observed that 18% of in-calf cows lost their foetus before term and 25% of them never showed heat 120 postpartum. Of these, 15% never showed any luteal activity, while 10% had silent heat. Sahiwals came into heat and started cycling earlier ($p<0.05$) than Friesians. Friesians had more ($p<0.05$) cows conceiving at 1st insemination and showing luteal activity later than the Sahiwals. There was within breed and between Feeding levels differences ($p<0.05$) for days to 1st heat and start of luteal activity. However the outcomes were varied and did not show specific patterns for Feeding level effects in both breeds. It can be concluded that breed effects were more important than the nutritional effects on milk production, composition and reproductive performance.

Key Words: Dairy; Nutrition, Fertility; Milk production

EFFETS DE LA SUPPLEMENTATION NUTRITIONNELLE ET DU GÉNOTYPE SUR LA PRODUCTION DE LAIT ET LA FERTILITÉ DES VACHES LAITIÈRES EN LACTATION DANS DES CONDITIONS TROPICALES

Résumé

L'objectif de cette étude était de déterminer les effets de la nutrition sur la production de lait et la fertilité des vaches frisonnes et sahiwal multipares en lactation. Quarante vaches pleines comprenant 20 frisonnes et sahiwal ont été sélectionnées, et au vêlage elles ont été réparties de manière aléatoire dans 5 groupes diététiques comprenant des compléments alimentaires sous forme de concentrés au taux de 0, 1, 2, 3 et 4 kg servis deux fois par jour après la pâture pendant 24 semaines postpartum. Chaque niveau d'alimentation était composé de 4 frisonnes et 4 sahiwal. Les pâturages et les concentrés ont été analysés en utilisant l'analyse immédiate. Des échantillons de lait ont été recueillis chaque semaine pour

Corresponding author email: douglasindetie@yahoo.com

déterminer la composition en utilisant la spectroscopie infrarouge, tandis que les échantillons de sang ont été recueillis toutes les deux semaines pour déterminer les niveaux de progestérone en utilisant le dosage radio-immunologique. Les paramètres enregistrés comprenaient la production et la composition (% de matières grasses, % de protéines,% de matières sèches non grasses (SNG) et la densité du lait. Les données sur la reproduction comprenaient les jours précédant le début de l'activité lutéale (progestérone> 3 nm / L) et les jours précédant la première insémination. Les données ont été analysées en utilisant le modèle linéaire général GLM de SAS. Les niveaux d'alimentation, la race par niveaux d'alimentation, la parité, le poids de la vache ont affecté de façon significative le rendement en lait. Les vaches plus lourdes ont produit plus de lait, avec une augmentation moyenne de 0,2 kg pour chaque augmentation de poids. Le niveau d'alimentation 4 avait le plus haut rendement moyen en lait par semaine ($p < 0,05$) chez les deux races, avec une moyenne de 72,2 ± 4,4 et 43,1 ± 1,7 litres respectivement pour les frisonnes et les sahiwal. Les races ont montré des différences en ce qui concerne les jours précédant la production maximale de lait et le rendement maximum en lait, les frisonnes et sahiwal ayant pris en moyenne 31,6 ± 6,0 et 42,2 ± 3,8 jours pour atteindre la production de lait maximale, tandis que les rendements de lait maximum étaient respectivement de 79,5 ± 5,9 et 58,4 ± 2,7 litres. Des différences significatives entre les races ont également été observées pour le % de matières grasses, de protéines, de SNG et de densité du lait. Les sahiwal ont montré une meilleure performance reproductive par rapport aux frisonnes. Il a été noté que 18% des vaches pleines ont perdu leur fœtus avant terme et que 25% d'entre elles n'ont jamais montré des chaleurs à 120 jours post-partum. Parmi celles-ci, 15% n'ont jamais montré une activité lutéale, tandis que 10% ont eu des chaleurs silencieuses. Les sahiwal ont eu des chaleurs et ont commencé leur cycle plus tôt ($p < 0,05$) que les frisonnes. Les frisonnes comptaient plus ($p < 0,05$) de vaches qui ont conçu à la 1ère insémination, et qui ont présenté une activité lutéale plus tard que les sahiwal. On a observé au sein des races et entre les niveaux d'alimentation des différences ($p < 0,05$) concernant les jours précédant les 1ères chaleurs et le début de l'activité lutéale. Cependant, les résultats ont été très variés et n'ont pas montré de tendances spécifiques pour les effets des niveaux d'alimentation dans les deux races. L'on peut conclure que les effets de la race étaient plus importants que les effets nutritionnels sur la production et la composition du lait et la performance reproductive.

Mots-clés : laitière; nutrition, fertilité; production de lait

Introduction

The lifetime productivity of a dairy cow depends on the number of calves born and the amount of milk produced during its active reproductive phase (De Vries, 2006). Efficient reproduction entails that the calving intervals are reduced and there is adequate nutrition to support milk production and calf growth to reach puberty early in life (Gong *et al.,* 2002).

Friesian cattle under tropical conditions have been reported to produce 72.5 Litres per week with a butterfat content of 3.7% and a lactation length averaging 290 days (Irungu and Mbugua, 1998) compared to the Sahiwal producing 67.2 litrs per week in a lactation length of 280 days (Muhuyi and Lokwaleput (1998). Walshe *et al.,* (1991) reported a range of 5-15 kg of milk per cow per day in Sub-Saharan Africa, with an average of 8.7 kg of milk per cow per day from 69 herds in Kenya. He attributes the low milk production to various factors including the genetic potential of the animal, the nutritional inadequacy of the diets, parasitism and disease, amongst other factors.

Nutrition and other environmental factors have a profound influence on production and reproductive performance of ruminants, however, little is known about the complex relationship between nutrition and reproduction which is variable (Gong, 2002; Samadi *et al.,* 2013). Energy, protein, minerals and vitamins can affect reproduction and insufficient intake of these nutrients has been associated with suboptimal reproductive performance (Beam and Butler, 1998). Inadequate energy intake results in delayed puberty, prolonged postpartum intervals to first ovulation, increased incidences of silent heat, reduced conception rates and birth weights (Lopez et al, 2004; Obese *et al.,* 2010).

Lactating cows are in a state of negative energy balance postpartum, because energy required for milk production and maintenance

of body functions exceeds energy ingested. Hence metabolic and endocrine changes allow enhanced mobilization of depot fat and skeletal muscle breakdown to provide substrates for milk synthesis (Bauman, *et al.,* 1988; Santos, *et al.,* 2009).

The composition of milk varies considerably with breed type, stage of lactation, feed, season of the year, and many other factors (Charles 1998). The cow's diet is the ultimate source of most of the material used in milk synthesis. The conditions of feeding and the rations fed to the cow influences the percent and yield of milk composition (Robinson 1997). The nutritional status of cows in relation to optimization of milk constituents can be adjusted through proper grazing and feeding management (Robinson 1997). The nutritional status of cows in relation to optimization of milk constituents can be adjusted through proper grazing and feeding management (Robinson 1997).

Low milk yields and poor fertility in tropical cattle is a result of nutritional factors due to seasonal variation of forage quantity and quality (Mukasa-mugerwa *et al.,* 1997). Topps (1994) showed a deficit of up to 15 mg /day of metabolisable energy and effective rumen degradable protein of 235 g per day to support desired levels of milk output. The shortage of protein was considered to be more critical than energy. However, it has been shown that under good nutrition, average milk yields of 12 to 15kg per day can be achieved representing 140 to 300% increase over the median milk yield per day (van der Valk, 1992). The objective of this study was to determine the influence of nutrition on lactation and reproductive performance of lactating Friesian and Sahiwal cows in Kenya.

Materials and Methods

Forty multiparous cows from two research station herds comprising of 20 Friesians and 20 Sahiwals cows were selected based on relative weight within breed, parity (3-5) and pregnancy status. The cows were 2 months to parturition at time of commencement of the experiment and were randomly assigned to 5 dietary groups upon calving comprising 8 cows to each feeding level. The cows were grazed together on pasture leys of predominantly Rhodes grass and upon calving were individually fed additional varying concentrate supplements at the rate of 0, 1, 2, 3 and 4 kgs fed twice per day dependent on the dietary group.

The cows were given an adaptation diet for a period of 14 days based on their feeding levels from time of calving up to 24 weeks (6 months) postpartum. Each dietary group comprised of 8 cows, 4 Friesians and 4 Sahiwals. The pastures were sampled monthly from the grazing fields using a quadrant and analyzed using the Van Soest method to determine their nutrient composition with respect to dry matter, fiber and protein content (AOAC, 1995). The concentrate component of the diet was also analyzed to determine dry matter (DM), neutral detergent fiber (NDF), acid detergent fiber (ADF), acid detergent lignin (ADL) and crude protein (CP).

After parturition, cow body condition was determined, the cow and calf were weighed using a weighing scale and randomly assignment to a dietary group. The calf was allowed to suckle colostrum for one week after which they were withdrawn and hand milking done twice a day. Cow parameters recorded included date of calving, age at first calving, cow age, parity, breed, daily milk yield (summed up for the week). The cows were then observed for behavioral signs of estrus and served using artificial insemination by two AI practitioners using locally processed semen of Friesian and Sahiwal respectively. Cows observed on heat in the morning were served in the afternoon while those exhibiting heat in the later part of the afternoon were served the following morning. The cows were inseminated up to the fourth insemination, after which they were considered open.

Blood samples were collected bi-weekly (20 ml) from each cow after calving for 6 months via jugular venipuncture using well labeled tubes containing ethylenediaminetetra-acetate (EDTA) at the rate of 1.8mg/ml as an anticoagulant for plasma collection. The blood

Table 1: Mean±SD of Nutritional Values of Feed Components

Nutritional Component	Forage	Concentrate
Dry Matter	86.8±2.5%	89.4±3.7%
Crude Protein	4.7±2.2%	16.8±1.1%
Neutral Detergent Fiber	41.7±6.7%	45.7±9.5%
Acid Detergent Fiber	42.6±2.5%	22.4±4.9%
Acid Detergent Lignin	4.7±1.6%	3.1±0.6%
Ash	8.9±1.3%	9.42±2.1%

samples were centrifuged for 15 minutes at 1600 revolutions per minute to separate the plasma from the solid blood components. The plasma was then pippetted into labeled 2ml plastic vials and stored at -20˚C after which progesterone was determined using radioimmunoassay with iodine 125 as the tracer, FAO/IAEA (1999). Progesterone measurements was used to determine commencement of luteal activity postpartum, early and late embryonic loss, pregnancy diagnosis and lack of cyclicity.

Reproductive data on the cows included, days from calving to commencement of luteal activity as determined by progesterone profiles (≥ 3ng/ml), days to first service were recorded. After insemination the cows were monitored for return to heat. Pregnancy diagnosis was done by rectal palpation 90 days after insemination and confirmed by progesterone profiles. Other reproductive parameters recorded included and embryonic or foetal loss as determined by progesterone profiles.

Homogenized 20ml milk samples were collected into well labeled plastic tubes once a week from each cow for the morning and afternoon milk for a period of 6 months from parturition. The milk samples were then analyzed immediately to determine milk components and characteristics which included percent butter fat (% BF), protein (% P), solids not fat (%SNF), density and freezing point using infrared spectroscopy (Tietz, 1986). Proportions of milk fat% to %protein were derived milk parameters to determine their association with reproductive and hormonal parameters.

Daily milk yield was recorded for the morning and evening and eventually summed up for the week for each cow postpartum. Lactation curves were then derived from this milk production levels over the lactation period using polynomial regression equations. The data was analyzed using the SAS program package release 8.2 (SAS, 2001). Analysis of variance was performed using GLM procedure of SAS. Differences were considered to be significant if

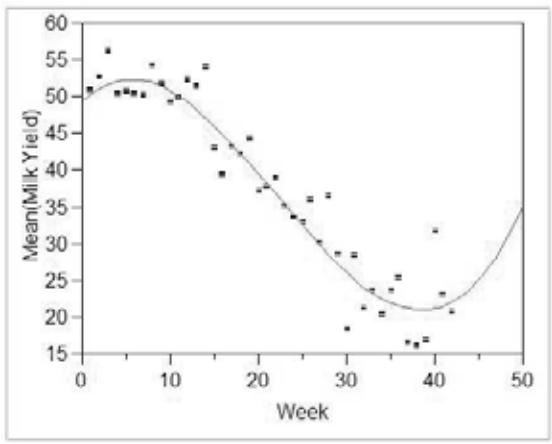


Figure 1: Sahiwal Lactation Curves

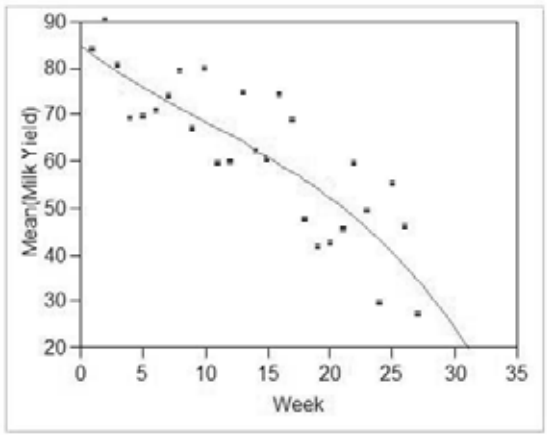


Figure 2: Friesian Lactation Curves

$p \leq 0.05$. Data are presented as means±SEM. The model used was as follows;

$$Y_{ijkl} = \mu + b_i + t_j + (bt)_{ij} + p_k + d_m + \varepsilon_{ijklm}$$

Y_{ijkl} were the dependent observations of milk and reproductive parameters; Whereas μ, b, t, p and d were the overall mean and the fixed effects of breed, Feeding levels, parity and body condition scores of each experimental animal while ε was the residual error. Cow weight at calving, current age, age at first calving and days in milk were included in the model as covariates. Correlations of the various variables of the model were also calculated to determine degree of association.

Results and Discussion

Laboratory results of the forage from the various grazing fields and concentrate as determined by the proximate analysis and Van Soest methods were as indicated in Table 1 below. These values are similar to those obtained in the East African region as reported by Smith et al. (2006) in Ethiopia and Irungu and Mbugua (1998) in Kenya.

Lactation curves of 3rd degree polynomials were fitted and are represented below (Figure 1 and 2) for the two breeds. Most of the lactation curves are characterized by an increase in milk production up to peak milk out put followed by a steady decline. These polynomials show fits for the Sahiwals whose r square is 0.91 while those of the Friesians showed r square of 0.71, which could be an indication of the inherent breed differences (Figures 1 and 2). These fits are similar to those found by Garcia and Holmes (2001). Friesians showed a shorter persistence with milk yield getting to 27% of peak milk yield at week 30 while that of sahiwal reached this level at week 40 postpartum and is similar to the findings of Ilatsia *et al.,* (2007) who found an average lactation length of 40.6 weeks for Sahiwals in Kenya. This persistence is similar to 30% that was reported by Mech *et al.,* (2008) as an indicator of the drying of phase.

As per the model, breed, Feeding Levels, breed by Feeding Levels, parity, body condition and weight of cow had significant effects on milk yield. When milk yield is regressed on body weight of cows, it was found that heavier cows produced significantly more milk with a mean increase of 0.2kg for each increase in weight. This was expected as older cows were heavier and with more developed udders which were responsible for the increased milk output. It

Table 2: Milk Production by Feeding Levels and Breed

Feeding Levels	Breed	Milk Yield (lts)	Peak Milk Yield (Lts)	Days to Peak Yield
1	Friesian	70.7±4.7[a]	103.6±3.4[a]	31.5±3.6[a]
	Sahiwal	33.9±1.3[b]	47.8±0.8[b]	44.7±2.5[b]
2	Friesian	57.9±5.2[a]	59.2±5.8[a]	25.6±1.7[a]
	Sahiwal	47.1±2,3[b]	65.7±1.9[a]	31.1±0.5[b]
3	Friesian	62.6±4.3[a]	82.7±2.3[a]	66.4±3.8[a]
	Sahiwal	44.6±1.9[b]	61.3±0.1[b]	25.9±0.5[b]
4	Friesian	72.2±4.4[a]	92.6±3.1[a]	62.9±7.3[a]
	Sahiwal	43.1±1.7[b]	61.1±1.2[b]	51.5±1.1[b]
5	Friesian	58.9±4.3[a]	88.1±0.9[a]	20.7±0.2[a]
	Sahiwal	44.0±2.1[b]	59.2±1.4[b]	46.3±0.9[b]
Overall	Friesian	51.9±5.3[a]	79.5±5.9[a]	31.6±6.0[a]
	Sahiwal	49.8±2.5[a]	58.4±2.7[b]	42.2±3.8[b]

[a,b] Indicates values with different superscripts within row differ significantly ($p<0.05$)

Table 3: Least Square Means and SEM for Milk Components for the two Breeds

Breed	% Fat	% Protein	% SNF	Density (kg/L)	Freezing Point (°)	Fat/Protein ratio
Friesian	3.55±0.22[a]	3.07±0.03[a]	8.12±0.08[a]	1.026±0.04[a]	-0.53±0.05[a]	1.17±0.33[a]
Sahiwal	4.52±0.14[b]	3.22±0.02[b]	8.50±0.05[b]	1.027±0.26[b]	-0.55±0.03[b]	1.40±0.21[b]

[a,b] *Indicates values with different superscripts within Columns differ significantly (p<0.05)*

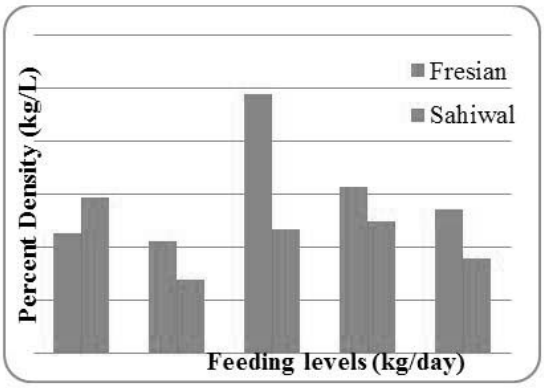


Figure 3: Milk Density for the Breeds

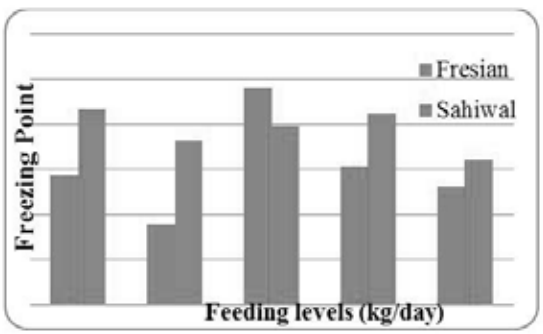


Figure 4: Freezing Point for the Breeds

has also been suggested that large cows have a larger rumination volume relative to metabolic needs and are likely to channel more nutrients for production rather than maintenance (Preston, 1989).

There were breed and Feeding Levels differences in the lactation curves as depicted by milk yields and the number of days taken to reach the peak (Table 2). The weekly Mean milk yields irrespective of Feeding Levels were not significantly different (p>0.05) and were 51.9±5.3 and 49.8±2.5 liters per week for Friesian and Sahiwal cows respectively (Table 2). Feeding Levels 4 had the best mean milk yield per week (p<0.05) in both breeds which averaged 72.2±4.4 and 43.1±1.7 liters for Friesians and Sahiwals respectively (Table 2) and could be assumed to be the optimal supplementation for dairy cows not selected for high milk production. These findings are contrary to those found by Irungu and Mbugua (1998) who reported 92.4 kg of milk per week for Friesians with similar supplementation while Ilatsia *et al.,* (2007) found lower values averaging 33.9 liters per week for Sahiwals. The supplementation of 3kg of concentrate was able to provide adequate nutrients to tap the individual cow potentials which eventually reduced to 58.4 and 42.8 liters for Friesians and Sahiwals respectively upon provision of 4 kg of concentrate for Feeding Levels five cows (Table 2). This reduction could be due to the cows becoming overweight thus impacting negatively on milk production. On average, both breeds produced similar amounts of milk per week (Table 2), with a mean of 50.4 liters, however, the individual peaks were (P<0.05) different, with Friesians attaining 79.5 liters per week after 32 days postpartum while Sahiwals attain a peak of 58.4 liters attained 42 days postpartum (Table 2) . These peaks are earlier than 50 to 70 days postpartum reported by Roche, *et al.,* (2006). This could be due to the differences in energy balance for the two breeds after parturition (Buttler, *et al.,* 2002).

Feeding Levels, breed by Feeding Levels, parity, body condition and weight of cow had significant effects on milk yield. There were significant (P<0.05) breed differences for, peak milk production and number of days to peak milk production in both breeds as indicated in Table 2. Friesians and Sahiwal cows averaged 31.6±6.0 and 42.2.±3.8 days to reach peak milk yield respectively when Feeding Levels was not considered, while the mean peak milk yields were 79.5±5.9 and 58.4±2.7 liters (Table 2).

Table 4: Correlations of Milk Constituents for Friesian Cattle

	Fat	SNF	Density	Freezing point	Protein
Fat	1	0.07	-0.45	0.03	0.15
SNF		1	0.86	0.99	0.99
Density			1	0.88	0.82
Freezing Point				1	0.99
Protein					1

Table 5: Correlations of Milk Constituents for Sahiwal Cattle

	Fat	SNF	Density	Freezing point	Protein
Fat	1	0.15	-0.39	-0.01	0.21
SNF		1	0.85	0.97	0.99
Density			1	0.91	0.81
Freezing Point				1	0.97
Protein					1

Table 6: Reproductive Parameters of the two Breeds

	Breed		
Reproductive Characteristics	**Sahiwal (N=20)**	**Friesian (N=20)**	**Overall (40)**
Cows Calving %	85	80	82.5
Phoetal Loss %	15	20	17.5
Non Return to Heat 6 Months postpartum %	18[a]	31[b]	24.5
Mean±SEM of Days to 1st Heat (Days)	72.6±1.7[a]	96.9±5.4[b]	84.8
Mean± Days to Start of Luteal Activity	55.5±1.2[a]	74.6±1.9[b]	65.1
Cows showing Heat after Parturition %	82[a]	69[b]	75.5
Cows Conceiving at 1st Insemination %	21[a]	54[b]	37.5
Cows Showing Luteal Activity after 120 days %	88	81	84.5

[a,b] Indicates values with different superscripts within row differ significantly ($p<0.05$)

The findings agree with Nebel and McGilliard (1993) who found that most cows peak 4 to 8 weeks postpartum and cows with high milk peak also take longer to reach peak milk yield and vice versa.

There were significant interactions between breed and Feeding Levels for days to peak and peak milk production but the patterns were not so clear for both breeds as the level of supplementation increased (Table 2).

There were significant differences for the percentage of fat, protein, SNF, density and freezing point of milk between the two breeds, with Sahiwals having higher($p<0.05$) values than those of the Friesians as indicated in the Table 3 below. These findings agree with conclusions of Mwenya (1993), who indicated that local breeds of cattle produce relatively less milk but have higher values for milk components as compared to the exotics. Chenoset and Sansoucy (1998) found that these differences in composition could be due to differences in feed conversion and rumen function dependent on volatile fatty acids and microbial proteins produced. The freezing point of the Friesian was similar to -0.53 reported by Henno, *et al.,* (2008) in Estonian Friesian, but more depressed for the Sahiwal cows (Table 3), and could be due to the inherent breed differences which show Sahiwals with consistently higher solid

Table 7: Mean±SEM Days to 1st Heat and Start of Luteal Activity for Various Feeding Levelss

	Mean Days to 1st Heat		Days to Start of Luteal Activity (> 3ng/L)	
Feeding Levels	**Sahiwals**	**Friesians**	**Sahiwals**	**Friesians**
1	61.5±0.1	53.3±3.9	53.0±1.6	49.3±3.1
2	83.9±0.8[a]	51.5±2.5[b]	29.3±2.0[a]	63.4±3.4[b]
3	35.7±0.3[a]	116.1±9.1[b]	60.7±3.2[a]	72.2±2.9[b]
4	109.1±3.9[a]	42.4±2.8[b]	66.8±2.3[a]	58.7±0.8[b]
5	60.4±2.4[a]	243.3±4.4[b]	58.5±2.1[a]	101.6±3.3[b]

[a,b] Indicates values with different superscripts within row differ significantly ($p<0.05$)

components in their milk than the Friesians. A decrease of 0.1% in milk protein results in an increase of 0.0024°C in Freezing point.

It is apparent that the metabolism of these two breeds allows for different nutrient partitioning and their nutrient requirements are also different which could be an inherent attribute of the Sahiwal considering that it is a Zebu type (Charles 1998).

Fat, protein and fat to protein ratios are important parameters of nutrient balance (Heuer *et al.,* 1999). Milk fat % tends to increase and % milk protein tends to decrease during postpartum negative energy balance due to mobilization of adipose tissues. The fat to protein ratio has been suggested as a potential indicator of lack of dietary energy supply, and critical ratios identified to be between 1.35 and 1.5 (Grieve *et al.,* 1986). The fat to protein ratios in Table 3 show that Sahiwals were in more energy deficit than Friesians. This was suprising because Friesians were supposed to be in more negative energy balance than the Sahiwals due to their mainatenance requirements, but given their relatively low milk yield the ntrients saved for milk production by this lower yield could have resulted in the favourable energy balance reflected while Sahiwals on average produced relatively more milk yield than thier potential (Ilatsia *et al.,* 2007).

The freezing point depression and density of milk depends upon the concentration of water-soluble components (Sherbon, 1988). The density of Sahiwal milk was higher ($p<0.05$) than that of Friesians and so was the depression of freezing point (Table 3). This could be explained by the inherently significantly higher total solids (% BF plus SNF) in Sahiwal milk causing the bigger depression of the freezing point and a larger specific gravity as indicated by the density (Table 3). For all Feeding Levelss it can be argued that the breed effects far outweigh the Feeding Levels effects for milk components because within breed variations did not show clear patterns as the concentrate levels were increased. This agrees with the findings of Gonthier *et al.,* (2005).

Freezing point depression and density are useful indicators of the solids in milk and Feeding Levels 3 shows significantly higher values, particularly for the Frisian as indicated by Figures 3 and 4 below. This is when the milk solids are at their highest and is an indicator that the optimal milk quality for the two breeds would be at this Feeding Levels. However, there were no clear Feeding Levels patterns influencing freezing point and density within breed.

There was strong negative correlation between % fat and density for both the breeds as seen in Tables 4 and 5. This can be problematic during marketing because as % fat increases the milk density tends to decrease and vice versa, although the set standards require that both fat and density should be high for good quality milk. However, the high association between protein with density and freezing point suggests that %protein is the main component influencing density and freezing point depression due to its contribution to SNF because of their larger molecular weight (Table 4 and 5). Solid not fat exhibited strong positive associations with density, freezing point and protein in both breeds (Table 4 and 5). This would be expected

because the higher the solid component of milk the more the freezing point depression and the higher the density and vice versa. Fat and protein were moderately positively associated in both breeds.

Parity affected ($p<0.05$) mean milk yield which increased to 68.8±1.9 liters per week for parity 5 and declined in subsequent parities for both breeds, similar trends were observed for peak milk yield where parity 6 peaked at 92.1±1.1 liters. This was expected because the alveolar tissues in the mammary glands develop with increasing parity resulting in increased milk yield which takes longer to reach peak. Similar findings were reported by Chase (1993). Parity also affected milk composition and their physical characteristics. Parity 4 had a significantly high mean protein content of 3.3±0.02%, density of 1.028, SNF of 8.59±0.05% and the lowest freezing point of -0.056°C. This could be that the udder is adequately developed to take full advantage of the nutrients supplied for improved milk quality and production.

Body condition scores had significant effects on lactation with body condition 5 showing the highest mean milk yield of 75.5±2.01 liters which peaked at a mean of 103.2±1.27 liters and took 48.8±1.9 days to reach peak milk yield. Milk composition and physical characteristics varied ($p<0.05$) for different body condition scores, however body condition 4 showed higher mean values for fat at 4.5%, protein of 3.2%, SNF of 8.54%, density of 1.027 specific gravity and a freezing point of -0.056°C. This was the best body condition under which both milk production and its quality are optimized.

Sahiwal exhibited better reproductive performance than Friesians as indicated in Table 6. It was observed that 18% of in-calf cows lost their phoetus before term and 25% of them never showed heat 120 days post partum (Table 6). Of the cows that calved, 15% did not show any luteal activity, while 10% had silent heat postpartum. Sahiwals came into heat and started cycling earlier ($p<0.05$) than Friesians (Table 6) although they were deemed to have a more negative energy balance than Friesians as earlier indicated, this could be due to adaptation by being able to reproduce even though the situations were less favorable given the fat to protein ratios. Or the Sahiwal could have a higher threshold for energy balance relative to the Friesian under tropical environments. Friesians had more ($p<0.05$) cows conceiving at 1st insemination and showing luteal activity later than the Sahiwals (Table 6) this was because of the demand for nutrients for milk production which peaks quite early for Friesians relative to the Sahiwal. The relative less favorable reproductive attributes of the Sahiwal relative to the Friesian could be a reflection of the influence of metabolic size on reproductive performance.

The beginning of luteal activity and expression of heat are important factors that influence when insemination should be done for conception to occur. The earlier it occurs the better for reproductive efficiency. There were breed differences ($p<0.05$) for days to 1st heat and start of luteal activity for most of the Feeding Levels as seen in Table 7. However these outcomes were quite varied and did not show specific patterns for Feeding Levels effects in both breeds. This is similar to the findings of Damptey *et al.,* (2014) who did not find nutritional influences on levels of circulating glucose and urea affecting reproduction. However on average the Friesians had longer days to luteal activity and heat than the Sahiwals as indicated in Table 7.

It can be observed that breed effects influenced milk production, composition and reproductive performance than the nutritional effects. This can be attributed to the fact that the cows used in this study were not highly selected for increased milk production which could result in skewed nutrient partitioning for milk production and reproduction. This is a reflection of the adaptation of the two breeds in this production system.

Conclusion

It can be concluded that there is interaction between nutrition and breed which affects milk production, composition and cow

reproduction but the effects of breed far outweigh the nutritional effects due to the lack of clear response of these parameters when concentrate levels are gradually increased from 0 level to 4Kg of supplementation. A consideration would be that the cows used in these experiments were not highly selected for milk production which would then result in higher responses as more nutrients are supplied to enhance milk production and reproduction.

Acknowledgement

I wish to sincerely thank the Director, Kenya Agricultural Research Institute for supporting me during this study and Dr. Muhuyi for facilitating the experiments. Sincere gratitude is extended to IAEA, through project AFRAA RAF5054 who supplied reagents and equipment to allow this study to run to completion.

References

AOAC. (1995). Official methods of Analysis (16th Edition). Association of Official Analytical Chemists, Washington, D.C.USA. pp36.

Auldist, M.J., Walsh, B.J., and Thompson,, N.A. (1998). Seasonal and lactational influences on bovine milk composition in New Zealand. J. Dairy Res.. 65:401-411.

Bauman, D. E., Peel, C. J., Steinhour, W. D., Reynolds, P. J., Tyrrell, H. F. and Brown H. C. (1988). Effects of Bovine somatotropin on metabolism of lactating dairy cows: Influence on rates of irreversible loss and oxidation of glucose and nonesterified fatty acids. Journal of Nutrition 118:1031-1040.

Beam, S. W. and Butler W. R. (1998). Energy balance, metabolic hormones and early postpartum follicular development in dairy cows fed prilled lipid. J. Dairy Sci. 81:121-131.

Charles, C. (1998). Nutrition changes milk composition. Virginia Polytechnic Institute and state University. Virginia co-operative extension Virginia.

Chase, L. E. (1993). Developing nutrition programmes for high producing dairy herds. J. Dairy Sci. 76:3287 – 3293.

Chenost, M. and Sansourcy, R. (1998). Nutritional characteristics of tropical feeds. Natural and improved grassland, crop residue and agricultural products. In: Speedy, A. Sansourcy, R. (Eds.). Feeding Dairy Cows in the tropics. FAO Animal Production and health paper # 86. FAO, Rome.

Damptey, J.K., Obese, F.Y., Aboagye, G.S., Ayim-Akonor, M. and Ayizanga, R.A. (2014). Blood metabolite concentrations and postpartum resumption of ovarian cyclicity in Sanga cows. South African J. Anim. Sci. 44: 10-17

De Vries, A. (2006). Economic Values of pregnant dairy Cattle. Dairy Sci.89:3876-3885.

FAO/IAEA. (1999). Animal production and Health. "Self coating Milk" Progesterone Radioimmoassay (RIA). Bench protocol Version – Sc RIA 3.1 February 1999, pp64.

Gong, J. G., Lee, W. J., Garnsworthy, P.C., Webb, R. (2002) Effect of dietary induced increases in circulating insulin concentration during the early postpartum period on reproductive function in dairy cows . Reproduction 123:419-427.

Gonthier, C., Mustafa, A., Ouellet, D., Chouinard, Y., Bethieume, R. and Petit, H. (2005). Feeding micronized and extruded flax seed to dairy cows. Effects on blood parameters and milk fatty acid composition. J. Dairy Sci. 88:748-756.

Grieve, D. G., Korver, S., Rijpkema, S. Y. and Hof, G. (1986). Relationship between milk composition and some nutritional parameters in early lactation. Livestock. Production. Scienc, 14:239-254.

Henno M., Ots, M., Joudo,I., Kaart T and Kart, O. (2008). Factors affecting the freezing point stability of milk from individual cows. Inter. Dairy Sci. 18:210-215.

Heuer, C., Schukken, Y. H. and Dobbelaar, P. (1999). Postpurtum body condition score and results from the 1st test day milk as predictors of disease, fertility, yield and culling in commercial dairy herds. J. Dairy Sci. 82: 295 – 304.

Ilatsia, E.,Muasya, T., Muhuyi, B. and Kahi, A. (2007). Genetic and phenotypic parameters and annual

trends for milk production and fertility traits of the Sahiwal cattle in semi arid Kenya. Trop Anim Health Prod 39:37-48.

Irungu, K. R. G. and Mbugua, P. N. (1998). Feeding dairy cows to increase performance on Rhodes grass ley. In: Proceedings of the 6th biannual KARI conference. Agricultural Research and Development for Sustainable Resource Management and Increased Production. Agronam Services Ltd (Eds), Nairobi, Kenya. pp608.

Lopez, H., Satter, L.D. and Wiltbamk, M.C. (2004). Relationship between level of milk production and estrous behavior of lactating dairy cows. Animal Production Science. 81:200-223

Mech, M., Dhali, A., Prakash, B. and Rajkhowa, C. (2008). Variation in milk yield and composition during the entire lactation period in Mithun cows . Livest. Res. Rural Dev. 20 (5): 1-9

Muhuyi, B.W. and Lokwaleput, I. (1998). Sahiwal-Friesian crossbred for milk production at Loldia estate in semi arid areas of Kenya. In Proceedings of the 6th KARI Annual Conference, pp525-531.

Mukasa-Mugerwa, E., Anindo, D., Lahlou-Kassi A., Umunna, N. N. and Tegegne A. (1997). Effect of body condition and energy utilization on the length of post-partum anoestrus in PRID-treated and untreated post-partum *Bos indicus* (zebu) cattle. Anim. Sci. 65:17–24.

Mwenya,W. (1993). The impact of the introduction of exotic cattle in east and southern Africa. In Kategile J A and Mubi S (editors). 1992. Future of livestock industries in East and southern Africa. Proceedings of a workshop held at Kadoma Ranch Hotel, Zimbabwe, 20-23 July 1992. ILCA (International Livestock Centre for Africa), Addis Ababa, Ethiopia. 227 pp. http://www.fao.org/Wairdocs/ILRI/x5485E/x5485e04.htm

Nebel, R. L. and McGilliard, M.L. (1993). Interactions of high milk yield and reproductive performance in dairy cows. J. Dairy Sci.. 76:3257-3268.

Obese, F.Y., Dafour-Oduro, K.A., Gomda, Y. and Bekoe, E. (2010). Reproductive performance following artificial insemination in Sanga and Crossbred (Friesian x Sanga) cows in the Accra Plains of Ghana. In: Sustainable Improvement of Animal Production and Health. Eds: Odongo, N.E., Garcia, M. & Viljoen, G.J., IAEA Publication, Vienna, Austria. pp. 201-203.

Preston, T.R. (1989). The development of milk production Sysytems in the tropics. Technical Center for Agricultural and Rural Development Coorperation (CTA). Wageningen, Netherlands. Pp34

Roche, J.R., Berry, D.P. and Kolver, E.S. (2006). Holstein-Friesian strain and feed effects on milk production, body weight and body condition score profiles on grazing dairy cows. J. Dairy Sci. 89:3532-3543.

Samadi, F., Phillips, N.J., Blache, D., Martin, G.B. & D'Occhio, M.J. (2013). Interrelationships of nutrition, metabolic hormones and resumption of ovulation in multiparous suckled beef cows on subtropical pastures. Anim. Reprod. Sci. 137, 137-144.

Santos, J.P., Rutigliano, H.M. and Sà Filho M.F. (2009). Risk factors for resumption of postpartum estrous cycles and embryonic survival in lactating dairy cows. Anim. Prod. Sci. 110:207-221.

SAS Institute (2001). SAS User's Guide: Statistics, SAS institute Inc., Cary, NC, USA.

Smith, D.G., Cuddeford, D and Pearson, R. (2006). The effect of extended grazing time and supplementary forage on the dry matter intake and foraging behavior of cattle kept under traditional African grazing systems. Trop. Anim. Health Prod. 38:75-84

Tietz, N (1986). Fundamentals of clinical chemistry, 3rd ed: W. B. Saundes Company, Philadelphia. Pp198

Topps J. H. (1994). Nutritional constraints affecting small-scale dairying in three districts of Kenya. In: Mutisi, C., Gomez, M., Madsen, J. and Hvelplund, T. (eds), Proceedings of the workshop on integrated livestock/crop production systems in the small scale and communal farming systems in Zimbabwe, pp125–131.

Van der Valk, Y.S. (1992). Ministry of livestock development, National Dairy Development Project. Review report of the surveys with dairy evaluation and advice form during 1991. Nairobi-Naivasha, Kenya.

Walshe, M.J., J. Grindle, A. Nell, and M. Bachmann. (1991) Dairy Development in Sub-Saharan Africa: A Study of Issues and Options. 1991. The International Bank for Reconstruction and Development/The World Bank. 1818 H Street, N.W., Washington, D.C. 20433, USA. Pp21

EFFET DE DIFFERENTES DOSES DE PMSG SUR LA DYNAMIQUE FOLLICULAIRE ET LA FERTILITE CHEZ LES VACHES NDAMA SYNCHRONISEES

Missohou A[1], Munyaneza C[1], Ayssiwede S[1], Cisse P[2], Touré A[2]
[1]Ecole Inter-Etats des Sciences et Médecine Vétérinaires (EISMV), Sénégal, BP 5077, Dakar-Sénégal
[2]Projet de Développement de l'Elevage au Sénégal Oriental et Casamance (PDESOC), Station ISRA, quartier Saré Guilèle BP : 176 Tambacounda, Sénégal

Résumé

L'objectif de cette étude était d'évaluer l'effet de différentes doses de PSMG (Pregnant Mare Serum Gonadotrophin, Sansheng Pharmaceutical China) sur la dynamique folliculaire et la fertilité chez les vaches Ndama synchronisées au Sénégal. L'étude a été réalisée de juin 2012 à janvier 2013 dans la ferme expérimentale de l'EISMV localisée à Keur Ndiaye Lo, à 30 km de Dakar, Sénégal. 32 vaches Ndama ont été synchronisées à l'aide de la spirale PRIDND et ont été scindées en 3 groupes équilibrés pour le poids vif et la note d'état corporel. 48 h avant le retrait de la spirale PRIDND, chaque groupe à reçu en injection 300 UI (lot 300 UI PMSG), 400 UI (Lot 400 UI PMSG) et 500 UI (lot 500 UI PMSG) de PMSG et 5 ml de PGF2α. Les vaches ont été inséminées 56 h après le retrait des spirales. Les examens échographiques ont été réalisés à l'aide d'un échographe (Digital Medical Ultrasound Machine Dp-2200 vet, 7,5 MHZ) et ont permis de suivre la dynamique folliculaire à 0, 32 et 48 h après le retrait des spirales. L'épaisseur du gras dorsal a été mesurée au retrait de la spirale et le diagnostic de gestation a été réalisé 3 mois après l'insémination artificielle à l'aide du même instrument. La détection des chaleurs a commencé le lendemain du retrait des spirales et a été réalisée deux fois par jour.

La majorité des vaches (90,63%) des vaches ont exprimé les chaleurs alors que l'acceptation du chevauchement n'a été observée que chez 19,35% des vaches. 48 h après le retrait des spirales, la taille moyenne des follicules dominants était de 11,59±2,53 mm et n'était pas significativement (p=0,13) affectée par la dose de PMSG. Le nombre de follicules était plus élevé dans le lot 500 UI PMSG (1,50 ± 0.98) que dans le lot 400 UI PMSG (1,30 ± 0,68) et dans le lot 300 UI PMSG (1,00 ± 0,45) (p=0.29). Le taux de femelles ayant présenté au moins deux follicules dominants était dose dépendant et était respectivement de 9,09%, de 20% et de 27,27% dans les lots 300 UI, 400 UI et 500 UI PMSG (χ^2=0,479). La fertilité globale était de 60% mais a significativement (p=0,047) augmenté de 30% dans le lot 300 UI PMSG à 66,67% dans le lot 400 UI PMSG et à 81,82% dans le lot 500 UI PMSG. Dans les protocoles de synchronisation de chaleurs chez la Ndama, la dose de 400 UI PMSG pourrait être un bon compromis entre la fertilité, la prolificité voire la viabilité des veaux.

Mots clés: Vache Ndama, Dose de PMSG, expression de chaleurs, dynamique folliculaire, échographie, fertilité, synchronisation des chaleurs, insémination artificielle, Sénégal.

EFFECT OF DIFFERENT DOSES OF PMSG ON FOLLICULAR DYNAMIC AND FERTILITY IN ESTROUS SYNCHRONIZED NDAMA COWS

Abstract

The objective of the study was to evaluate the effect of different doses of PMSG (Pregnant Mare Serum Gonadotrophin, SanSheng Pharmaceutical, China) on follicular dynamic and fertility in estrus synchronized Ndama cows in Senegal. The study was carried out from June 2012 to January 2013 in the experimental farm of EISMV located in Keur Ndiaye Lo, 30 km from Dakar, Senegal. Thirty two (32) Ndama cows were synchronized by using PRID's spiral and were divided into 3 treatment groups balanced on body weight and body condition score. 48 h before the withdrawal of the PRID'spiral each group was injected

Corresponding autors email: missohou@gmail.com

300 UI (Trt300, n=11), 400 UI (Trt400, n=10) and 500 UI (Trt500, n=11) of PMSG and 5 ml of PGF2α. The cows were artificially inseminated 56 h after the withdrawal of the spiral. A transrectal ultrasonography (Digital Medical Ultrasound Machine Dp-2200 vet, 7.5 MHZ) was used to follow up the follicular dynamic at 0 h, 32 and 48 h after the withdrawal of the spiral. Back fat thickness was measured at the withdrawal of the spiral and pregnancy was diagnosed 3 months after artificial insemination using the same instrument. Heat detection started the day following the withdrawal of the spiral and was performed twice daily.

A high majority (90.63%) of cows expressed heat while acceptance of mount and immobilization were observed in 19.35% of the cows. 48 hours after the removal of the PRID's spiral the mean size of dominant follicles was 11.59±2.53 mm and was not significantly (p=0.13) increased by the dose of PMSG. The number of dominant follicles was higher (1.50 ± 0.98) in Trt500 cows than in trt400 (1.30 ± 0.68) and Trt300 (1.00 ± 0.45) cows (p=0.29). The rate of cows with at least two dominant follicles was PMSG dose dependant and was, respectively, 9.09%, 20% and 27.27% in treatments 300 IU, 400 IU and 500 IU of PMSG (χ^2=0.479). The overall fertility rate was 60% but significantly (p=0.047) rose up from 30% in Trt300 cows to 66.67% in Trt400 and to 81.82% in Trt500 cows. In the protocols of synchronization of Ndama cows the dose of 400 IU of PMSG at 400 could make a good balance between prolificacy and fertility and even calve viability.

Key words: Ndama cows, Dose of PMSG, heat expression, follicular dynamic, ultrasonography, fertility, estrous synchronization, artificial insemination, Senegal.

Introduction

L'amélioration génétique des animaux de la ferme a été l'une des voies privilégiées par le Sénégal pour accroître les productions animales et atteindre la sécurité alimentaire. Ainsi des centres de sélection des bovins ont été créés en 1950 à Dahra et en 1969 à Kolda et des animaux de race pure ont été importés à des fins de croisement (Sow et al 1988, Diop et al 1993). Du fait de l'échec de ces stratégies, la demande en lait et produits laitiers est couverte à 60% par des importations qui se chiffrent en 2010 à 73,1 milliards de francs CFA (ANSD, 2011). Aussi depuis 1994, les nouvelles politiques de développement de la filière laitière ont été centrées sur l'organisation de campagnes d'insémination artificielle, biotechnologie dont le potentiel pour l'amélioration de la productivité à moindre est bien connu. Toutefois, les taux de conception obtenus au cours de ces campagnes d'insémination artificielle sont anormalement bas (Munyaneza , 2012) ce qui pourrait constituer un motif réel de rejet de cette biotechnologie par les éleveurs (Nordin *et al.,* 2007). En plus de cette contreperformance, ces derniers se plaignent du taux élevé de gémellité et de la faible viabilité des jumeaux qui en découle. L'étude de ces deux paramètres au cours de la campagne d'insémination artificielle de 2011-2012 au Sénégal oriental et en Casamance a révélé une prolificité de 112% et une mortalité de 4,28%, de 28,13% et de 83,33%, respectivement, chez les veaux nés simples, doubles et triples. Ce taux élevé de prolificité a également été rapporté chez des vaches (Johnson *et al.,* 1975, Mulvehill et Sreenam, 1977, Fu *et al.,* 2012, Munyeneza, 2012) et des brebis (Timurkan et Yildiz , 2005, Najafi *et al.,* 2012) traitées à la PMSG. Selon Newcomb et al. (1979) elle serait due à l'effet de réduction de l'atrésie des follicules à antrum par la PMSG. Cet effet étant dose dépendant (Monniaux *et al.,* 1984) et variable en fonction des races (Karagiannidis *et al.,* 2001), cette étude a été réalisée pour évaluer l'effet de différentes doses de PMSG sur la dynamique folliculaire et la fertilité des vaches Ndama.

Materiel et Methodes

Site et periode d'experimentation

Notre étude a été réalisée du mois de Juin 2012 au mois de janvier 2013. Elle s'est déroulée à la station expérimentale de l'Ecole Inter-Etats des Sciences et Médecine Vétérinaires (EISMV) de Dakar, située à Keur N'diaye Lô dans la zone des Niayes à une trentaine de km de Dakar. Le climat dans cette région est de type sub-canarien avec des

températures relativement fraîches par rapport au reste du pays. La pluviométrie moyenne annuelle dans les Niayes est de 519 mm avec une période pluvieuse s'étendant de juillet à octobre. La courbe de température présente un maximum de 36°C pendant la saison des pluies et un minimum de 10°C en saison sèche. L'hygrométrie peut atteindre 75-90%, mais peut descendre jusqu'à 50%. Ce microclimat particulier confère à cette zone toute sa vocation de zone d'élevage semi-intensif à intensif. La végétation est composée d'une formation herbeuse et de plantes ligneuses.

Mode d'elevage du cheptel

Au total, 36 femelles Ndama ont été acquises au Sénégal oriental et en Casamance en juin 2012 et transportées par camion à la station expérimentale de l'EISMV. Pendant l'acquisition, les vaches ont été sélectionnées en fonction de leur âge déterminé sur la base de leur dentition, de leur note d'état corporel évaluée à l'aide de la grille à 5 échelles proposée par l'ITEB (Froment, 2007) et de leur état physiologique. Les animaux ont subi à cet effet un diagnostic de gestation par palpation transrectale et seules les vaches vide ont été retenues et identifiées par bouclage à l'oreille. A la station expérimentale de l'EISMV, de juin à juillet 2012 qui correspond à une période pré-hivernage, les animaux ont été stabulés et nourris à volonté avec de la paille de riz complémentée avec un concentré constitué de son de riz et de tourteau d'arachide. Durant l'hivernage, les vaches ont été élevées sur parcours sous le contrôle d'un berger. L'abreuvement des vaches a été réalisé ad libitum à l'eau de robinet durant toute la durée de l'expérimentation. Il en est de même des compléments minéralo-vitaminés sous la forme de bloc de pierres à lécher.

Au plan sanitaire, les animaux ont été déparasités avec de l'ivermectine (IVOMEC DND) et ont subi un traitement préventif contre la trypanosomose avec de l'Isometamidium (VERIDIUMND). Ils ont ensuite été vaccinés contre le charbon bactéridien avec du CARBOVINND, contre la pasteurellose bovine avec du PASTEURELLOXND et contre le botulisme avec de l'ANABOTND. Cette prophylaxie a été accompagnée d'un apport en vitamines et oligo-éléments avec du FREDOPND. Des déparasitages externes en « pour on » ont également été mis en œuvre au début et à la fin de l'hivernage avec du DUPAXONND.

Protocole Experimental

Constitution des lots expérimentaux

Au mois d'octobre 2012, un deuxième diagnostic de gestation par palpation transrectale a été réalisé et a permis d'écarter deux femelles confirmées gestantes. Les 34 vaches restantes ont été pesées à l'aide d'une console de pesée de marque Iconix FX1® (capacité maximale de 2000 kg, précision de 100 g) et leur état corporel apprécié suivant la technique décrite plus haut. Seules les vaches ne présentant aucun signe de maladie et ayant une NEC satisfaisante ont été retenues et réparties en fonction de la dose de PMSG à administrer en 3 lots (d'une dizaine de vaches équilibrés pour le poids vif et la note d'état corporel) comme suit :

- Lot 500 UI PMSG (n=11 animaux) : injection de la dose de 500 UI de PMSG qui est la dose standard des protocoles de synchronisation des chaleurs au Sénégal;
- Lot 400 UI PMSG (n=10 animaux) : injection de 400 UI de PMSG;
- Lot 300 UI PMSG (n=11 animaux) : injection de 300 UI de PMSG.

Synchronisation des chaleurs chez les vaches sélectionnées

Le protocole de synchronisation des chaleurs suivant a été mis en œuvre :

- Jour 1 : pose de spirales PRIDND contenant 1,55 mg de progestérone à l'aide d'un applicateur PRIDND,
- Jour 8 : l'injection (en IM) de 5 ml d'ENZAPROST® (Dinoprost 5 mg/ml), un analogue de PGF2α,
- Jour 9 : retrait de la spirale suivi d'une injection (en IM) de SYNCRO-PARTND (solution injectable contenant la PMSG) aux doses de 500 UI, 400 UI et 300 UI, respectivement, aux lots 500UI PMSG, lot

400 UI PMSG et au lot 300 UI PMSG.

La détection des chaleurs par la surveillance des signes et comportements de chaleurs (congestion vulvaire, écoulement de glaire cervical, déviation de la queue, acceptation du chevauchement) a commencé le lendemain du retrait de la spirale. La méthode utilisée est celle de l'observation visuelle deux fois par jour aux heures les plus fraiches de la journée.

Examens échographiques

Les examens échographiques ont été réalisés à l'aide d'un échographe (Digital Medical Ultrasound Machine Dp-2200 vet) muni d'une sonde linéaire à fréquence réglable de 5 à 10 MHz. Les vaches ont été examinées dans une cage de contention munie d'un dispositif anti-recul (Figure 1). Les examens échographiques ont porté sur la mesure de l'épaisseur du gras sous-cutané (pour mieux apprécier l'état d'engraissement réel des animaux synchronisés) et sur le suivi de la dynamique folliculaire des ovaires et le diagnostic de gestation.

Mesure de l'épaisseur du gras sous-cutané par échographie

Elle a été réalisée au jour 9, c'est-à-dire, juste avant le retrait de la spirale PRIDND. Le lieu d'élection retenu a été délimité sur le côté gauche, notamment au centre de l'hypoténuse du triangle formé par le sacrum, l'aile de l'ilium et l'ischion (Figure 2). La sonde linéaire reliée à l'échographe réglée à une fréquence de 7,5 MHz a alors été plaquée au niveau de la croupe contre la peau préalablement tondue et lubrifiée. Une fois l'image visualisée sur l'écran et jugée satisfaisante, elle a été figée pour permettre la réalisation des mesures avant d'être enregistrée.

Suivi de la dynamique folliculaire des ovaires par échographie

Les observations échographiques des ovaires pour le suivi de la dynamique folliculaire ont été réalisées à J 9, jour du retrait de la spirale (RS) à 0 heure (juste au retrait), à 32 heures et à 48 heures après le retrait de la spirale. La sonde de l'échographe réglée à une fréquence de 7,5 MHZ comme conseillé par Calais et Dreno (2004) et préalablement enduite de gel de contact a été introduite dans le rectum de la vache pour examiner chaque ovaire. Les échogrammes les plus représentatifs ont été gelés pour effectuer les décomptes et les mensurations des follicules. La taille du follicule a été déterminée en positionnant les repères échographiques de mesure sur sa paroi interne. Il s'agissait en réalité d'une mesure de la cavité folliculaire et non du follicule lui-même.

Insémination artificielle et diagnostic de gestation des vaches Ndama synchronisées

Les vaches ont été inséminées suivant la méthode recto-vaginale utilisant le pistolet d'insémination de type Cassou. En janvier 2013, soit environ 3 mois après l'insémination artificielle, un diagnostic de gestation par palpation transrectale a été réalisé. Il a été confirmé par un examen échographique transrectal à la fréquence de 7,5 MHz l'aide de l'échographe.

Traitement et analyses statistiques des donnees

Les informations collectées ont permis de calculer différents paramètres tels que le taux d'expression de chaleurs, le taux de vaches ayant présenté 0, 1 et plus 2 follicules dominants, le taux de fertilité par lot. Les analyses statistiques ont été réalisées à l'aide du logiciel Statistical Package for Social Science (SPSS) sous la forme d'analyse de variance (ANOVA) complétée par le test de Duncan en cas de nécessité. Le seuil de signification retenu a été de 5%.

Resultats et Discussion

Resultats

Caractéristiques des vaches Ndama sélectionnées

Les moyennes globales d'âge, de poids vif, de note d'état corporel (NEC) et d'épaisseur du gras sous-cutané des vaches utilisées dans cette expérimentation ont été, respectivement, de 6,13±0,18 ans, de 193,23±4,29 kg, de 3,90±0,08 et de 14,20±0,40 mm. Aucune différence significative ($p>0,05$) n'a été observée entre les trois lots pour ces

différents paramètres (Tableau I).

Effet de différentes doses de PMSG sur l'expression des chaleurs chez les vaches synchronisées

Sur 32 vaches synchronisées, 29 (soit 90,63% de l'effectif total) sont venues en chaleurs. Ce taux d'expression des chaleurs a été de 90,90%, de 100% et de 81,82 %, respectivement, pour les lots de 500 UI, de 400 UI et de 300 UI de PMSG. Au total, 6 vaches (19,35 % de l'effectif total) ont manifesté des signes d'acceptation de chevauchement (Figure 3). Le nombre d'acceptation de chevauchement le plus élevé (3) a été noté dans le lot 500 UI PMSG, suivi du lot 400 UI PMSG (2) et du lot 300 UI PMSG (1 chevauchement). L'écoulement de glaire cervical a été observé sur presque toutes les vaches détectées, surtout vers les 48 heures après le retrait de la spirale, et cela de façon plus prononcée chez les vaches des lots 500 UI et 400 UI de PMSG. Toutefois, la différence entre les taux d'expression des chaleurs en fonction des différentes doses de PMSG n'a pas été significative (χ^2=0,479) (Tableau II).

Différents types de follicules ovariens observés à l'échographie

Les images des follicules ont été caractérisées par la présence de zones anéchogènes (noires) correspondant à l'accumulation de fluide dans l'antrum et limitées par une paroi échogène très mince et un stroma ovarien qui apparait grisâtre. À la fin du traitement de synchronisation, les images des follicules observées, respectivement, à 0 heure, 32 heures et 48 heures après le retrait de la spirale PRIDND, ont montré la présence de petits follicules (2-5 mm de diamètre), de follicules moyens (5-10 mm de diamètre) et de follicules dominants (10-15 mm) (Figure 4).

Effet de différentes doses PMSG sur le diamètre moyen des follicules ovariens en fonction du temps chez les vaches Ndama

L'impact des différentes doses de PMSG sur la taille moyenne et la croissance des follicules ovariens à l'échographie réalisée, respectivement, à 0, 32 et 48 heures après le retrait de la spirale PRIDND a été illustré à la figure 5. La croissance folliculaire entre 0 et 48 h a été plus rapide et plus accentuée (6,39 à 12,62 mm, soit 97,5%) chez les vaches du traitement 500 UI de PMSG que chez celles du traitement 400 UI PMSG (6,83 à 11,90 mm, soit 74,2%) et du traitement 300 UI (6,45 à 11,11 mm soit 72,2%). Les tailles moyennes globales respectives des follicules à 0 heure (juste après le retrait), 32 et 48 heures après le retrait de la spirale ont été de 6,55±1,65 mm, 9,61±2,14 mm et de 11,85±1,45 pour l'ensemble des animaux examinés.

Toutefois, les tailles moyennes obtenues à 0 heure (6,39 mm, 6,83 mm et 6,45 mm), à 32 heures (10,18±2,23 mm, 9,87±2,49 mm et 8,87±1,64 mm) et à 48 heures (12,62±1,25 mm, 11,90±1,56 mm et 11,11±1,23 mm) après le retrait de la spirale, respectivement, pour les traitements 500 UI, 400 UI et 300 UI de PMSG n'ont pas présenté de différence significative entre les différents traitements (P>0,05).

Les tailles moyennes des plus gros follicules observés par traitement, respectivement, à 0, 32 et 48 heures après le retrait de la spirale sont consignées dans le tableau III. De 32 à 48 heures après le retrait de la spirale, les vaches du lot 500 UI de PMSG, ont présenté des follicules de tailles maximales les plus élevés, suivies de celles du lot 400 UI de PMSG et du lot 300 UI.

A 48 heures après le retrait de la spirale, la taille maximale moyenne des follicules dominants a été de 11,97±1,37 mm pour l'ensemble des animaux. Elle a été de 12,71±1,21 mm pour les sujets du lot 500 UI, de 11,95±1,53 mm pour le lot 400 UI et de 11,32±1,12 mm pour ceux du lot PMSG 300 UI.

Effet de différentes doses de PMSG sur le nombre de follicules ovariens

Le nombre moyen de follicules par ovaire et par vache pour l'ensemble des traitements a été consigné dans le tableau IV. Durant la période de 0 h à 48 h après le retrait de la spirale (RS), le nombre de follicules ovariens n'a pas sensiblement changé. Néanmoins, les ovaires des sujets du traitement 500 UI de PMSG ont eu plus de follicules que les autres

Tableau I : Caractéristiques des vaches Ndama sélectionnées

Caractéristiques	Traitement PMSG				Min	Max	p
	300 UI (n=11)	400 UI (n=10)	500 UI (n=11)	Total			
Age (années)	5,96±0,33	6,25±0,30	6,20±0,34	6,13±0,18	133,0	245,0	0,10
Poids vif (kg)	192,64±4,71	193,55±8,94	193,55±9,13	193,23±4,29	3,00	4,50	0,50
NEC	4,02±0,11	3,80±0,16	3,85±0,15	3,90±0,08	10,1	18,5	0,34
Ep. du gras (mm)	14,00±0,63	13,90±0,84	13,63±0,57	14,20±0,40			

Tableau II : Effet de différentes doses de PMSG sur le taux d'expression des chaleurs chez les vaches Ndama

Chaleurs		Traitement PMSG			
		300 UI	400 UI	500 UI	Total
Absence	Effectif	2	0	1	3
	%	18,18	0,00	10,00	9,375
Présence	Effectif	9^{1m}	10^{2m}	10^{3m}	29
	%	81,82	100,00	90,90	90,625
Total	Effectif	11	10	11	32
	%	100,00	100,00	100,00	100,00

^{1m} : Observation d'une monte ; ^{2m}: Observation de deux montes ; ^{3m} : Observation de trois montes

même si la différence n'a pas été significative. Le nombre moyen global de follicules par ovaire et par vache a été de 5,68±1,21, de 5,82±1,11 et de 5,73±1,15, respectivement, à 0, 32 et 48 heures après le retrait de la spirale.

Les examens échographiques n'ont révélé les follicules dominants qu'à 48 h après le retrait de la spirale. Le nombre de follicules dominants par vache a été plus élevé sur l'ovaire droit que sur l'ovaire gauche au niveau de tous les traitements. Le nombre moyen de follicules dominants par vache a été de 1,26±0,73. Il a augmenté de façon non significative (P>0,05) avec la dose de PMSG et a été de 1,50±0,98, de 1,30±0,68 et de 1,00±0,45 follicules dominants par vache, respectivement, pour les lots 500 UI, 400 UI et 300 UI de PMSG (Tableau V).

Sur les 32 vaches synchronisées, 2 (6,25%) n'ont pas présenté de follicule dominant. Par contre 24 vaches (75%), 4 (12,5%) et 2 vaches (6,25%) ont, respectivement, présenté 1, 2 et 3 follicules dominants (tableau VI). Au total, 6 vaches (18,75%) ont eu au moins deux follicules dominants, dont 3 vaches dans le lot 500 UI PMSG, 2 vaches dans le lot 400 UI PMSG et 1 vache dans le lot 300 UI PMSG. Le taux de vaches ayant au moins deux follicules dominants a donc augmenté avec la dose de PMSG et a été, respectivement, de 9,09%, de 20% et de 27,27% pour les lots 300 UI, 400 UI et 500 UI de PMSG.



Figure 1: Vache Ndama en cage de contention (à gauche) et l'échographe relié à sa sonde (à droite) pour examen échographique

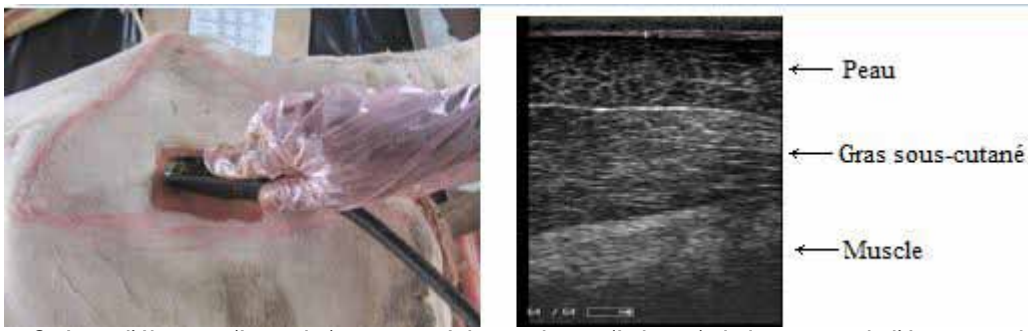


Figure 2 : Lieu d'élection (à gauche) et image échographique (à droite) de la mesure de l'épaisseur du gras sous-cutané chez les vaches

Tableau III : Diamètre maximal moyen (en mm) des follicules ovariens par traitement en fonction du temps chez les vaches Ndama

Moment après retrait spirale	**Traitement PMSG**				
	300 UI	400 UI	500 UI	Total	P
0 heure	7,35±1,83	7,66±1,87	7,14±1,78	7,38±1,77	0,81
32 heures	9,44±1,53	10,29±2,36	10,63±1,86	10,1±1,94	0,36
48 heures	11,32±1,12	11,95±1,53	12,71±1,21	11,97±1,37	0,06

Tableau IV : Effet de différentes doses de PMSG sur le nombre de follicules par ovaire et par vache en fonction du temps chez les vaches Ndama.

Moment après le RS	**Traitement PMSG**				
	300 UI	400 UI	500 UI	Moyenne	**Valeur de p**
0 heure	5,64±0,95	5,30±0,14	6,10±1,49	5,68±1,21	0,34
32 heures	5,82±0,98	5,55±1,07	6,10±1,31	5,82±1,11	0,56
48 heures	5,73±1,01	5,40±1,10	6,05±1,35	5,73±1,15	0,46

Tableau V : Effet de différentes doses de PMSG sur le nombre de follicules dominants par ovaire et par vache à 48 heures après le retrait de la spirale

Ovaire	**Traitement PMSG**				
	300 UI	400 UI	500 UI	Moyenne	**Valeur de p**
Ovaire gauche	0,27±0,47	0,50±0,71	0,50±0,71	0,42±0,62	0,64
Ovaire droit	0,73±0,65	0,80±0,42	1±0,47	0,84±0,52	0,47
Total	1,00±0,45	1,30±0,68	1,50±0,98	1,26±0,73	0,29

Tableau VI : Nombre ou taux de vaches ayant 0, 1 et au moins 2 follicules dominants (FD) en fonction des doses de PMSG

Nombre de follicules dominants	**Traitements PMSG**			
	300 UI	400 UI	500 UI	**Total**
0	1 (9,09%)	1 (10%)	-	2(6,25%)
1	9 (81,82%)	7 (70,00%)	8 (72,73%)	24 (75,00%)
2	1 (9,09%)	1 (10,00%)	2 (18,18%)	4 (12,50%)
3	-	1 (10,00%)	1 (9,09%)	2 (6,25%)
Total	11 (100%)	10 (100%)	11 (100%)	32 (100%)



Figure 3 : Acceptation de chevauchement (à gauche) et écoulement du glaire cervical observés chez les vaches Ndama synchronisées

Effet de différentes doses de PMSG sur la fertilité des vaches Ndama

Les résultats de diagnostic de gestation ont montré un taux de fertilité global de 60 % pour l'ensemble des animaux inséminés. Ce taux a été significativement amélioré ($p<0,05$) avec l'augmentation de la dose de PMSG (Figure 6). Ainsi le traitement 500 UI de PMSG a enregistré le meilleur taux de fertilité (9/11 vaches, soit 81,82%), suivi du traitement 400 UI PMSG (6/9 vaches soit 66,67%) et du traitement 300 UI PMSG qui a le taux de conception le plus faible (3/10 vaches, soit 30%).

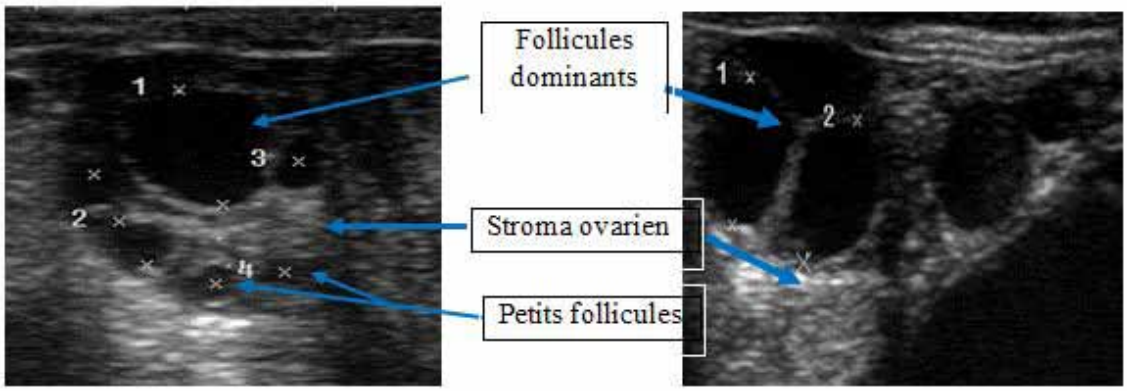


Figure 4 : Ovaires à un (à gauche) et à deux (à droite) follicules dominants



Figure 5 : Effet de différentes doses de PMSG sur la croissance folliculaire en fonction du temps chez les vaches Ndama

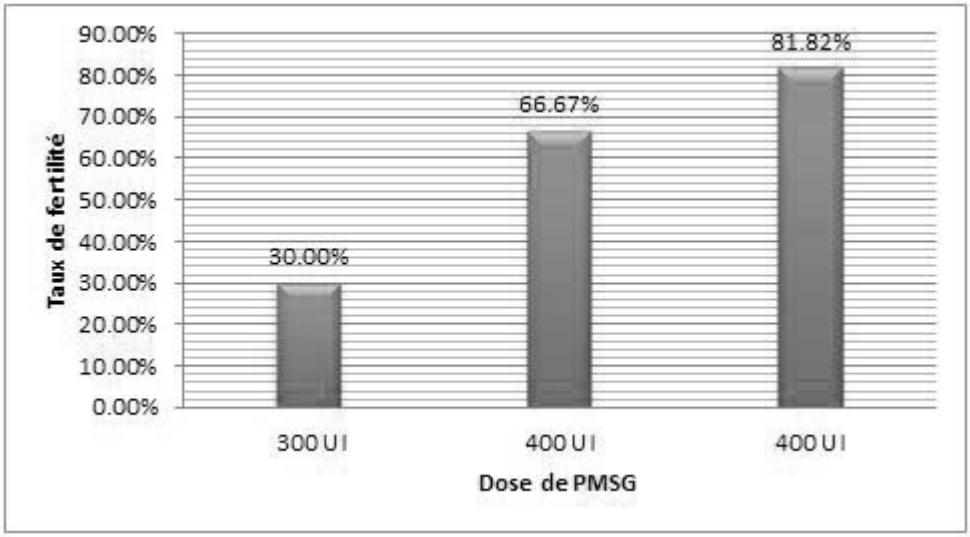


Figure 6 : Effet de différentes doses de PMSG sur la fertilité des vaches Ndama

Discussion

Les taux globaux d'expression des chaleurs de 90,32% et d'acceptation de chevauchement de 19,35 % observés dans la présente étude sont inférieurs à ceux rapportés (100% et 50 % respectivement) par Cissé (1991) chez le zébu Gobra. Toutefois, cet auteur a utilisé une technique de détection des chaleurs basée sur l'observation continue qui est plus efficace que l'observation discontinue (Wattiaux, 2006). Par ailleurs, l'expression des chaleurs chez la Ndama est très discrète (Diop *et al.,* 1998). L'absence d'effet de la dose de PMSG sur le taux d'expression des chaleurs est en accord avec les résultats de Fu et al. (2012) chez les bovins et de Zonturlu et al. (2011) et de, Najafi et al. (2012) chez les ovins. Bien que non significative, l'augmentation du taux de chevauchement avec la dose de PMSG peut s'expliquer par son effet stimulateur de la sécrétion de l'œstradiol (Soumano, 1997) qui, à son tour, est responsable du comportement d'œstrus.

L'augmentation non significative du diamètre folliculaire avec la dose de PMSG à 32 et à 48 heures après le retrait de la spirale est en accord avec les résultats de Mauleon et al. (1970) et serait due aux propriétés FSH mimétiques de la PMSG lui permettant d'accélérer la croissance folliculaire (Mauleon et Chupin, 1976 ; Monniaux *et al.,* 1984). A 48 heures après le retrait de la spirale, le nombre moyen de follicules dominants a été de 1,26±0,73 avec un taux global de 18,75% des vaches synchronisées qui ont eu au moins deux follicules dominants. Il est supérieur au nombre d'un seul follicule dominant observé normalement au cours d'un œstrus naturel chez la vache (Fortune, 1994 ; Kannitz, 2003 et Adams et Singh, 2011) et à celui observé par Pitala et al. (2004) chez le zébu Goudali avec une dose de 400 UI de PMSG. Bien que la différence ne soit pas significative, le nombre plus élevé de follicules dominants dans les lots 500 UI (+50%) et 400 UI (+30%) par rapport au lot 300 UI est en confirme avec les résultats rapportés par Chicoteau et al. (1986) chez le taurin Baoulé. D'après et auteur, la dose de 500 UI est responsable de la polyovulation avec en moyenne 2,9 corps jaunes/vache pouvant atteindre un maximum de 7 dans cette race en général plus petite que la race Ndama. Ces résultats pourraient s'expliquer par la diminution par la PMSG de l'atrésie des follicules à antrum (Newcomb *et al.,* 1979) ; 'sauvetage' qui serait responsable de la forte augmentation de la prolificité observée dans différents programmes de synchronisation lorsque la PMSG est utilisée à la dose de 500

UI notamment chez les bovins (Fu *et al.,* 2012) et chez les ovins (Timurkan et Yildiz , 2005, Najafi *et al.,* 2012).

Le taux de fertilité global (60%) obtenu est comparable au taux de réussite en première insémination de référence qui est de 60-70%. Il est supérieur aux taux de 49,02%, de 36,7% et de 28,30% obtenus au Sénégal, respectivement, par Okouyi (2000) dans la région de Kolda, par Kabera (2007) dans les régions de Kolda, Louga, Saint-Louis et Tambacounda, et par Munyaneza (2012) dans les régions de Kolda, de Kédougou et de Tambacounda. Cette différence serait due au fait que ces derniers ont travaillé en milieu rural où les conditions d'une bonne réussite de l'insémination artificielle ne sont pas réunies. L'augmentation significative du taux de fertilité avec la dose de PMSG pourrait découler de l'amélioration de la croissance folliculaire induite par cette hormone dont la conséquence serait un taux d'ovulation élevé se traduisant par une amélioration du taux de fertilité (Perry *et al.,* 2005 ; Lopes *et al.,* 2007 et Pfeifer *et al.,* 2012).

Conclusion

Il ressort de cette étude que la dose 500 UI de PMSG utilisée chez la vache Ndama dans les programmes de synchronisation des chaleurs est relativement élevée et est responsable de la forte prolificité observée. Compte tenu de la mortalité marquée des veaux nés multiples ainsi obtenus, cette dose ne peut être maintenue que s'il est mis en place une véritable politique de prise en charge, de la gestation au sevrage des veaux, de la gémellité au Sénégal. A défaut, la dose de 400 UI de PMSG pourrait constituer un bon compromis entre la fertilité, la prolificité et la viabilité des veaux.

Remerciements

Les auteurs remercient le PDESOC (Projet de Développement de l'Elevage au Sénégal Oriental et en Casamance) pour avoir financé ce travail.

Bibliographie

Adams GP, Singh J, 2011. Bovine Bodyworks : Ultrasound Imaging of reproductive events in Cows. WCDS Advances in Dairy Technology, 23 : 239-254.

ANSD, 2011. Situation économique et sociale du Sénégal en 2010. [En ligne] accès Internet : http://www.ansd.sn/publications/annuelles/SES_2010.pdf. (page consultée le 02 Janvier 2013).

Calais E, Dreno C, 2004. L'échographie en gynécologie bovine, ovine et caprine : réalisation d'un CD-Rom didactique. Thèse de doctorat vétérinaire, Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, Alfort, France.

Chicoteau P, Cloe L, Bassinga A, 1986. Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux, 39(1): 161-163.

Cissé DT, 1991. Follicl1logenèse et endocrinologie chez la vache Gobra surovulée. Thèse de doctorat vétérinaire, Ecole Inter-Etats des Sciences et Médecine Vétérinaires, Dakar-Sénégal.

Diop M, Fall A, Niang S, 1993. Mise en place d'un programme d'amélioration génétique à noyau ouvert sur le bétail Ndama au Sénégal: le dépistage des vaches dans les troupeaux villageois. In : L'amélioration génétique des bovins en Afrique de l'Ouest. Pp 271-283. Etude Fao Production et santé animales. Fao, Rome.

Diop PEH, Faye L, Fall R, Ly O, Sow AM, Mbaye M, Fall A, Faye A, Boye C, 1998. Caractéristiques de l'œstrus chez les femelles N'Dama et Jersiaises au Sénégal après maîtrise du cycle sexuel par le Norgestomet Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux, 51(1): 69-73.

Fortune JE, 1994. Ovarian follicular growth and development in mammals. Biology of Reproduction, 50 : 225-232.

Froment P, 2007. Note d'état corporel et reproduction chez la vache laitière. Thèse de doctorat vétérinaire, Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, Alfort, France.

Fu SB, Zhang HL , Riaz H, Ahmad S, Wang XM, Li X, Hua GH, Liu XR, Guo AZ, Yang LG, 2013. Effects of different doses of PMSG on reproductive

performance in Chinese Holstein dairy cows. Pakistan Veterinary Journal, 33(2): 209-212.

Johnson MR, Turman EJ, Stephens DF, 1975. Estrus Synchronization gonadotropin induced multiple births in beef cows following. Journal of Animal Science 41: 1394-1399.

Kabera F, 2007. Contribution à l'amélioration du taux de réussite de l'insémination artificielle bovine dans les campagnes de l'insémination artificielle réalisée par PAPEL au Sénégal. Thèse de doctorat vétérinaire, Ecole Inter-Etats des Sciences et Médecine Vétérinaires, Dakar-Sénégal.

Kanitz W, 2003. Follicular dynamic and ovulation in cattle - a review. Archives Animal Breeding, 46 (2) : 187-198.

Karagiannidis A, Varsakeli S, Karatzas G, Brozos C, 2001. Effect of time of artificial insemination on fertility of progestagen and PMSG treated indigenous Greek ewes, during non-breeding season. Small Ruminant Research, 39(1): 67-71.

Lopes AS, Butler ST, Gilbert RO, Butler WR, 2007. Relationship of pre-ovulatory follicle size, estradiol concentrations and season to pregnancy outcome in dairy cows. Animal Reproduction Science Journal, 99(1-2):34-43.

Mauleon P., Mariana J.C., Benoi M., Solari A., Chupin D. et Prat M.J., 1970. Influence de différentes doses de pmsg et hcg, injectées en phase folliculaire du cycle oestrien sur le nombre et le rendement d'ovulations de vaches de race française frisonne pie noire. Annales de Biologie Animale Biochimie. Biophysique, 10 : 31-46.

Mauleon, P, Chupi D, 1976. PMSG. (23-32). in : Maîtrise des cycles sexuels chez les bovins. Colloque INRA-SERSIA-SEARLE : 12-13 janvier, Paris.

Monniaux D, Mariana JC, Gibson WR, 1984. Action of PMSG on follicular populations in the heifer. Journal of Reproduction and Fertility, 70 : 243–253.

Munyaneza C, 2012. Contribution à l'amélioration de l'efficacité de l'insémination artificielle au Sénégal Oriental et en Haute Casamance. Thèse de doctorat vétérinaire, Ecole Inter-Etats des Sciences et Médecine Vétérinaires, Dakar-Sénégal.

Muvehill P, Sreenam JM, 1977. Improvement of fertility in post partum beef cows by treatment with PMSG a progestagen. Journal of Reproduction and Fertility, 50(2): 323-325.

Najafi G, Cedden F, Kohram H, Sulu N, Dellal G, Bohlooli S, 2012. Effect of Various Doses of PMSG Administrations on Reproductive Performance in Ghezel Sheep of Iran Annals of Biological Research, 3 (7):3300-3304.

Newcomb R., Christie WB., Rowson LEA., Walters DE and Bousfield WED., 1979. Influence of dose, repeated treatment and batch of hormone on ovarian response in heifers treated with PMSG Journal of Reproduction and Fertility 56 113–118.

Nordin Y, Zaini N, Wan Zahari WM, 2007. Reproductive status following artificial insemination and factors affecting conception rate in dairy cows in smallholder production systems. In. Improving the reproductive management of dairy cattle subjected to artificial insemination AIEA, Vienne Autriche.

Okouyi MWM, 2000. Maitrise de la reproduction chez la femelle bovine Ndama au Senegal- : Essai du PRIDND. Thèse de doctorat vétérinaire, Ecole Inter-Etats des Sciences et Médecine Vétérinaires, Dakar-Sénégal.

Perry GA, Smith MF, Lucy MC, Green JA, Parks TE, Macneil MD, Roberts AJ, Geary TW, 2005. Relationship between follicle size at insemination and pregnancy success. Proceedings of the National Academy of Sciences, 102 (14) : 5268-5273.

Pfeifer LFM., De Souza Leal SDCB, Schneider A, Schmitt E, Correa MN, 2012. Effect of the ovulatory follicle diameter and progesterone concentration on the pregnancy rate of fixed-time inseminated lactating beef cows. Revista Brasileira de Zootecnia, 41 (4) : 1004-1008.

Pitala W, Boly H, Zongo M, Coulibaly I, Noelita Sousa M, Sawadogo L, Leroy P, Beckers JF, 2004. Dynamique folliculaire chez le zebu Goudali. Tropicultura, 22 (3) : 110-115.

Soumano K, Silverides DW, Doizé, F, Price CA, 1996. Follicular 3-hydroxysteroid dehydrogenase and cytochromes P450 17-hydroxylase and aromatase messenger ribonucleic acids in cattle undergoing superovulation. Biology of Reproduction, 55(6) :

1419-1426.

Sow RS, Denis JP, Trail JCM, Thiongane PI, Mbaye M, Diallo L, 1988. Productivité du zebu Gobra au Centre de Recherche Zootechnique de Dahra. Etudes et documents. Institut Sénégalais de Recherches Agronomiques (ISRA), Dakar-Sénégal.

Timurkan H, Yildiz H, 2005. Synchronization of oestrus in Hamdani ewes: the use of diffent pmsg doses. Bulletin of the Veterinay Institute in Pulawy, 49, 311-314, 2005.

Wattiaux A. M., 2006. Détection des chaleurs, saillie naturelle et insémination artificielle. In : Reproduction et sélection génétique, Babcock Institute. [En ligne] accès Internet : http://babcock.cals.wisc.edu/downloads/de_html/ch09.fr.html (page consultée le 13 Janvier 2013).

Zonturlu AK, Ozyurtlu N, Kaçar C, 2011. Effect of different doses PMSG on estrus synchronization and fertility in Awassi ewes synchronized with progesterone during the transition Period. Journal of the Faculty of Veterinary Medicine Kafkas University, 17 (1): 125-129.

EVALUATION DE LA PROLIFICITÉ DE LA CHÈVRE COMMUNE LOCALE DE LUOZI EN RÉPUBLIQUE DÉMOCRATIQUE DU CONGO.

Mundondo E[1], Bakana B[2], Nyongombe[3], and Tonadio[4]
[1]Centre de recherche de l'INERA Mvuazi B.P. 2037 Kin/Gombe RD Congo
[2]Faculté de médecine vétérinaire. Université pédagogique Nationale. RD Congo.
[3]Faculté de sciences agronomiques. Université pédagogique Nationale. RD Congo.
[4]Mininistere de l'agriculture territoire de Luozi. RD Congo.

Résumé

Les auteurs essaient d'évaluer la prolificité de la chèvre locale d'après le mode de conduite utilisé. Dans l'aire d'investigation deux modes sont d'usage à savoir la divagation stricte et la divagation avec hébergement nocturne où les animaux reçoivent quelques soins vétérinaires principalement l'administration d'un vermifuge. La prolificité de deux groupes ne présente aucune différence significative pour la première, la deuxième, la troisième, la sixième et la septième mise bas tandis que les chèvres vermifugées avec hébergement nocturne sont beaucoup plus prolifiques à la quatrième et la cinquième mise bas.

Summary

The authors try to assess the prolificity of local goat according to the driving mode used. In the area of investigation are two modes of use the strict wandering and staying with night accomodation where animals receive care primarily some vets administer a womer. Prolificity of two groups showed no significant difference for first, second, third, sixth and seventh calving while goats dewormed with overnight a accomodation are much more prolific in fourth and fifth calving.

Introduction

La chèvre commune locale élevée habituellement en divagation dans nos villages n'est pas encore bien connue. Elle est parfois jugée à tort par rapport à ses homologues d'autres races suite aux conditions parfois précaires auxquelles elle est soumise. Sa santé, sa reproduction, son alimentation et d'autres facteurs concourant à une bonne croissance ne lui sont pas offerts d'où l'incapacité de l'animal d'exprimer normalement son potentiel génétique. Perez et al.(1986) , Fahmy et Srestha (2000), Abib et Saab (2002) affirment et bien d'autres que le potentiel des races locales ou même les différents produits de métissage en milieu tropical réel n'a fait l'objet que de peu d'études, surtout les races africaines pour lesquelles il n'existe que de rares données et souvent descriptives. Ceci explique à suffisance toute l'importance des différentes études qui doivent être menées afin de mieux connaître nos races locales de la R.D.Congo.

Tenant compte que l'amélioration génétique est une composante majeure de la rentabilité des productions animales et que le principe de l'évaluation génétique est celui d'estimer le potentiel des animaux en tant que géniteurs, à partir des performances disponibles et des liens d'apparentement entre eux et la nécessité de dissocier les effets génétiques des effets environnementaux ; la présente étude a été menée chez les caprins dans 5 groupements du territoire de Luozi repartis respectivement en deux groupes. Le premier composé des animaux ayant bénéficié de quelques soins vétérinaires primaires (vermifugation, soins des plaies, pulvérisation à base des acaricides) et le second n'ayant reçu aucun soin vétérinaire ou zootechnique (vie totalement naturelle). Dans l'ensemble, deux cents animaux soit 40 caprins par groupement ont été suivis.

L'évaluation génétique se fait généralement à base d'un programme de sélection qui utilise deux voies à savoir la voie classique consistant à suivre la descendance des petits noyaux de boucs et a l'avantage d'être précise mais longue tandis que la seconde approche sélectionne des géniteurs mâles et femelles au très jeune âge d'après les performances de leurs mères et de toutes les autres femelles ayant les liens parentaux. Les progrès génétiques résultant de la dernière voie est quatre fois supérieur à celui d'un schéma classique sur la descendance grâce à l'intensité de sélection plus élevée et à l'intervalle de génération plus court (Sullivan(2002), Prince (2002).

L'éleveur congolais en général fait le choix de ses géniteurs en fonction de la taille de la portée de l'ascendance maternelle c'est-à-dire le nombre de petits par mise bas. Bref c'est la prolificité qui est le caractère de sélection retenu pour tout choix dans nos villages.

L'objectif spécifique de cette étude demeure sa modeste contribution de la connaissance de la chèvre commune locale en déterminant si sa prolificité est-elle influencée par les modes de conduite d'usage général dans les villages et si le principe le choix des géniteurs femelles d'après l'importance de la taille des naissances chez les éleveurs pouvait être retenu comme base de sélection dans cet élevage.

Milieu, matériels et méthodes.

Milieu

Les investigations se sont déroulées dans cinq sites représentant cinq groupements du territoire de Luozi à savoir Ndende pour le groupement de Kinkenge, Luhombo pour le groupement de Mbanzamona, Makulu pour celui de Munkaka, Mambendi pour le groupement de Kingila et enfin Makulu pour le groupement de Tembisa.

Ces groupements sont bornés au Nord par le fleuve Congo, à l'Est par le district du Bas-fleuve, à l'Ouest par le centre missionnaire de Kingoyi et au Sud par la république populaire du Congo.

Le territoire de Luozi a une longitude Ouest de 13°5' et une altitude Sud de 4°5' a une altitude de 583m et appartient au climat du type Aw4 selon la classification de Koeppen se caractérise par une saison sèche marquée de plus ou moins 130 jours qui s'étend de la moitié

du mois de mai à celle du mois de septembre soit environ quatre mois. Sa pluviométrie moyenne annuelle se situe autour de 1500mm de pluies alors que sa température moyenne et son humidité relative varient respectivement entre 10,5°c à 37,6°c et 76% avec une légère diminution pendant la saison sèche pour cette dernière.

La végétation est prédominée par la savane arbustive et herbeuse parsemée.

Le sol est en général argilo-sablo limoneux, hétérogène et de fertilité très diverse allant de vallée alluvionnaires jeunes et de sols latéritiques de zones érodées (PNUD/ UNOPS,1997).

Matériels et méthodes

Les données ont été collectées sur 100 chèvres reparties en deux groupes dans cinq sites. Le premier groupe d'animaux reçoit les soins vétérinaires primaires résumés par la vermifugation à base de levamisole, les soins des plaies et la pulvérisation mensuelle par un tiquicide : la cyperméthrine.

Le choix des sites, des chèvres et de leurs propriétaires s'étant effectué au hasard. Chaque site compte 20 animaux repartis en deux groupes dont six des dix chèvres reproductrices de chaque groupe par site ont fait l'objet d'un suivi rétrospectif et actualisé de leurs mises bas. Les mises bas enregistrées pendant l'étude et la rétrospection des mises bas antérieures obtenues par les interviews auprès des éleveurs nous ont permis d'établir le taux de prolificité .

Les mesures barymétriques de tous les animaux indistinctement à savoir la longueur scapulo-ischiale, le périmètre thoracique, la hauteur au garrot, la largeur à la hanche et le poids. L'âge approximatif des animaux s'obtenait à l'aide de la dentition.

Les données étant très variées nous avons procédé à l'analyse de la variance à l'aide du logiciel genstat 5 release 3.2 copyright 1995.

Résultats

Les résultats de nos investigations sont résumés en tableaux représentant les caractères physio-morphologiques de la chèvre commune locale auxquels nous associons le taux de mortalité des chevreaux et l'allure générale des mises-bas des chèvres reproductrices dans les cinq sites.

Tableau I : Paramètres physiques, physiologiques et la mortalité de la Chèvre commune locale du territoire de Luozi.

Désignation	Sites	Age (mois)	L.S.I. (cm)	P.T. (cm)	H.G. (cm)	L.H. (cm)	Poids (kg)	I.P.	Mortalité (nombre)
NON TRAITEES	Ndende	26	50	57	38	12	20	1,2	9
	Luhombo	23	49	56	38	12	17	1,3	12
	Mukulu	27	48	57	40	12	18	1,3	10
	Mambedi	21	46	57	39	12	18	1,3	13
	Nkundi	29	48	58	40	12	19	1,3	11
TRAITEES	Ndende	35	54	63	42	12	32	1,7	5
	Luhombo	32	54	64	44	13	36	2	7
	Mukulu	32	47	59	40	11	28	1,8	6
	Mambedi	35	49	64	42	12	30	2,6	8
	Nkundi	37	51	69	45	12	35	1,9	4
MOYENNE		29,7	49,6	60,4	40,8	12	25,3	2	8,5
VARIANCE		29	7,3	18,7	5,7	0,2	56,4	0,2	-
COVARIANCE		18,1	5,4	7,1	5,8	3,9	30,2	27,2	-
P.P.D.S.		4	2,8	4	2,8	0,8	4,5	0,4	-

LSI : longueur scapulo-ischiale PT : périmètre thoracique HG : hauteur au garrot LH : largeur à la hanche IP : indice de prolificité PPDS : plus petite différence significative

Tableau 2 : Les numéros d'ordre des mises bas et le nombre moyen des petits chez les chèvres non traitées.

Sites	1ère m.b.	2è m.b.	3è m.b.	4è m.b.	5è m.b.	6è m.b.	7è m.b.	8è m.b.	Total	I.P.
Ndende	1	1,2	1,6	1	1	0	0	0	5,8	1,2
Luhombo	1	1,4	1,6	1,6	1	2	0	0	8,6	1,4
Makulu	1	1	1,5	1,6	1	2	1,5	1	10,6	1,3
Mambedi	1	1	1,5	1,6	1	2	1,5	0	9,6	1,4
Nkundi	1	1	1,8	1,5	1,6	1,5	0	0	8,4	1,4
Moyenne	1	1,1	1,6	1,5	1,1	1,5	1,5	1	10,3	1,3

m.b.= mise bas I.P. = indice de prolificité

Au regard de ce tableau, il ressort que la chèvre commune locale de Luozi âgée de 29,7mois en moyenne a 49,6cm de longueur scapulo-ischiale, 60,4cm de périmètre thoracique, 40,8 cm de hauteur au garrot, 12cm de largeur à la hanche et de 25,3kg de poids moyen. Son indice de prolificité moyen est de 2 soit 200%. La mortalité moyenne globale par site est de plus ou moins 8 chevreaux.

Au regard de ce tableau il ressort que les premières mises bas sont simples dans tous les sites. Les deuxièmes mises bas sont simples dans les sites de Makulu, Mambedi et Nkundi alors qu'il y a des mises bas simples et multiples dans ceux de Ndende et Luhombo. Les troisième, quatrième et sixième mises bas sont caractérisées par l'intensification des naissances multiples tandis que quatre sites présentent uniquement des naissances simples pour les cinquièmes mises bas hormis le site de Nkundi où les naissances sont hétérogènes. Les sites de Makulu et de Mambedi, les chèvres ont donné des naissances simples et multiples à la septième mise bas alors que seules les naissances simples ont été observées dans les sites de Makulu à la huitième mise bas. Les indices de prolificité dans tous les sites sont médiocres avec respectivement 1,4 pour les sites de Luhombo, Mambedi et Nkundi ; 1,3 pour Makulu et 1,2 pour Ndende.

Tableau 3 : Les numéros d'ordre des mises bas et le nombre moyen des petits chez les chèvres traitées.

Sites	1ère m.b.	2è m.b.	3è m.b.	4è m.b.	5è m.b.	6è m.b.	7è m.b.	8è m.b.	I.P.
Ndende	1	1,5	2	2	3	2	1,5	1	1,7
Luhombo	1	1,4	2	2,6	3	2,5	1	0	1,9
Makulu	1	1,3	1,8	2,3	2,6	1,3	1,5	1	1,6
Mambedi	1	1,8	2	3	3	0	0	0	2,1
Nkundi	1,3	2	1,5	2	3	2	1,3	1	1,8
Moyenne	1	1,6	1,9	2,4	3	2	1,3	1	1,8

m.b.= mise bas I.P. = indice de prolificité

Ce tableau nous révèle que les premières mises bas sont simples dans les sites de Ndende, Luhombo, Makulu et Mambedi à l'exception de site de Nkundi qui a enregistré les naissances simples et multiples. Les naissances multiples s'intensifient de la deuxième à la septième mise bas

Discussion et conclusions.

Comme l'affirme; Abib et Saab, (2002), Maignel, (2005) ; le potentiel des races locales ou même les différents produits de métissage en milieu tropical réel n'a fait l'objet que de peu d'études, surtout les races africaines pour

lesquelles il n'existe que de rares données souvent descriptives. Ceci expliquerait toute l'importance des différentes études qui sont menées afin de mieux les connaître.

Nos données sur les paramètres physiques principaux de deux groupes d'animaux nous conduisent à retenir globalement que l'âge moyen des chèvres en présence est de 29 mois et qu'une différence significative (P 0,05>0,003) a été observée. Ainsi, la chèvre la plus âgée provenait de Nkundi et avait 37 mois d'âge moyen tandis que la plus jeune avait 21 mois et provenait du groupement Mambedi. Les chèvres reproductrices du cheptel caprin de Luozi semble être en général jeune (tableau 1). La brève description morphologique de cette chèvre se résume en une longueur scapulo-ischiale moyenne de 49,6cm à 2,5 ans et qu'aucune différence significative n'a été observée parmi les chèvres suivies (P 0,05<0,052). Le périmètre thoracique moyen de cette chèvre locale est de 60,4cm à 29 mois d'âge et une différence significative a été reconnue (P 0,05>0,010). La chèvre commune locale du groupement de Luhombo a 56cm de périmètre thoracique moyen tandis que celle de Nkundi a 69cm. La hauteur moyenne au garrot de cette chèvre à 2,5 ans d'age est de 40,8cm et qu'une différence significative entre les différentes hauteurs au garrot des animaux en présence dans les cinq sites a été établie (P 0,05>0,025). La chèvre la plus haute est celle de Nkundi avec 45cm et la plus petite celle de Ndende et Luhombo avec 38cm de hauteur au garrot (Tableau 1). La largeur à la hanche moyenne est de 12cm pour une chèvre de 29 mois d'âge (P 0,05<1,00). Le poids moyen est de 25,3kg pour une chèvre de 29 mois et la différence significative a été conclue (P 0,05 >0,001). La chèvre la plus lourde est celle de Nkundi ayant 35kg à l'opposé de celle du site de Luhombo qui est la moins lourde avec 17kg (Tableau 1).

L'indice de prolificité qui est l'unique paramètre physiologique étudié est de 2 c'est-à-dire excellent pour la chèvre commune locale de Luozi. Avec P 0,05>0,009 dénote une différence significative d'indices de prolificité des chèvres dans les sites de l'aire de l'étude. Ainsi, les chèvres traitées du site de Mambedi sont les plus prolifiques et celles vivant en divagation stricte (non traitées) du site de Ndende sont les moins prolifiques(Tableau1).

En comparant l'importance des portées de la première à la huitième mise bas entre les deux groupes d'animaux en présence à savoir celle des chèvres traitées en semi liberté et l'autre des chèvres non traitées en totale divagation il se dégage que la première, la seconde, la troisième, la sixième et la septième mise bas il n'y a aucune différence significative entre les deux groupes (avec respectivement P 0,05<0,3739 ; P 0,05<0,1749 ; P 0,05<0,1443 ; P 0,05<0,9329 ; P 0,05<0,4528 et P 0,05<0,1778) tandis que la quatrième et la cinquième mise bas attestent une différence significative entre les deux groupes (P 0,05>0,0117 ; P 0,05>0,0001) (Tableaux 2 et3). Ceci nous orienterait à penser que malgré la résistance naturelle aux endoparasites reconnue aux chèvres locales, les effets accumulatifs peuvent s'observer dans la reproduction de celles-ci dans la quatrième et la cinquième mise bas. Comme chez les ovins laitiers, les premières mises bas ont une prolificité faible (Baelden *et al.,* 2005).

De tout ce qui précède nous remarquons que la chèvre commune locale de Luozi a une grande variabilité. Les petits ruminants étant particulièrement intéressants pour augmenter la production animale dans les zones tropicales et subtropicales en raison de leur adaptation au milieu et que les performances de reproduction se référant à la notion de productivité numérique chez les mammifères utilisés pour la production de la viande ceci peut être un motif d'encouragement pour la chèvre commune locale qui semble réunir cette qualité (Branchert, 1983, Minvielle, 1990 ; Montaldo et al, 2002). Chaque site présente son type de chèvre d'après les différents paramètres particulièrement la hauteur au garrot (taille), le périmètre thoracique, le poids et l'indice de prolificité.

Adeoye (1985) reconnaît que la prolificité est significativement modifiée par l'état sanitaire des femelles chez la chèvre Sokoto au Nigeria. La chèvre commune locale de Luozi ne s'écarte pas de cette affirmation

bien que présentant une résistance naturelle aux endoparasites comme plusieurs de leurs homologues africains (Mwamachi *et al.,*1995).

Avec un taux de prolificité équivalent à 2, la chèvre de Luozi a une excellente prolificité mais celle de Mambedi est la plus prolifique comparativement à ses homologues des autres sites du territoire. Une analyse approfondie de l'ensemble du système de production de la chèvre dans le territoire tout en mettant un accent particulier sur le contrôle de la reproduction et la sélection est une nécessité absolue (Bakana ,1989 ; Banze Ngoy 1989, Delgadillo et al. 1997).

L'étude étant préliminaire, son extension pour tout le pays serait un atout majeur afin de connaître la chèvre de la R.D.Congo et d'amorcer un travail progressif de sélection et d'amélioration afin de tirer un maximum de cet élevage.

Bibliographie

Abi Saab et Hosri Ch., (2002): Effet du système d'élevage sur la prolificité des chèvres et la croissance des chevreaux Baladi au Liban, 9, 132, Renc. Rech. Ruminant.

Adeoye S.A.E., (1985). In: Small ruminants in African Agriculture, R.T. Wilson and D. Bourzat (eds), 18-24. ILCA, Addis Ababa, Ethiopia.

Baelden M., Astruc J.M., Poivery J.P., Robert-Granie C., Bodin L. Et Bouillet F. Etude de la relation genetique entre la prolificite et la production laitière en ovins laitiers. Renc. Ruminants, 2005, 12 pp 153-156.

Bakana B.M., (1989) : Organisation de l'amélioration génétique dans les élevages en ranching in Séminaire de formation continue destiné aux vétérinaires praticiens de la province orientale, Bunia, 28-35.

Banze-Ngoy K.W.K., (1989): Exploitation rationnelle de petits ruminants et perspectives d'amélioration de la productivité en R.D.C. in Séminaire de formation continue destiné aux vétérinaires praticiens de la province orientale, Bunia, 21-27.

Branckaert R., (1983) : La reproduction chez les petits ruminants tropicaux africains. Synthèses des connaissances actuelles. ILCA- Adis- Abeba.

Delgadillo J.A., Malpaux B., Chemineau P. (1997) : La reproduction des caprins dans les zones tropicales et subtropicales. INRA Productions animales, 10, 3

Fahmy M.H., Shresta J.N.B. 2000. Genetics for the improvement of goat meat production, 7th international conference of goats, France, 15-21 may 2000.

Maignel L., Tracy-Lyn R., Sullivan B., (2005): L'impact de la genetique sur les enterprises caprines. Colloque sur la chèvre, CRAAQ, 2005. .

Minvielle, F., (1990) : Principes d'amélioration génétique des animaux domestiques, Presse de l'Université Laval.

Montaldo H.H., Manfredi E., (2002): Organisation of selection programme for dairy goats, 7th world congress on genetics. Applied to livestock production. August 19-23, 2002, Montpellier, France.

Mwamachi D.M., Audho J.O., Thorpe W. and Baker R.L. 1995. Evidence for multiple anthelmintic resistance in sheep and goats reared under the same management on a farm in coastal Kenya. Veterinary Parasitology 60(34):303-313.

P.N.U.D./U.N.O.P.S., (1997) : Monographie de la province du Bas-Congo,

P.N.U.D./U.N.O.P.S., 1997.

Prince M.J., (2002): Portrait de la production de chevreaux de boucherie au

Quebec, 7è colloque sur la chèvre, CRAAQ, 2002. .

Sullivan B.P., (2000): Genetic. Evaluation of Canadian dairy goats. 7th International Conference on goats, France, 15-21 may 2000.

Sullivan B.P., (2002) : Un programme d'évaluation et de sélection des jeunes sujets Pour les chèvres laitières. 7è colloque sur la chèvre, CRAAQ, 2002.

INDIGENOUS KNOWLEDGE IN CATTLE BREEDING IN SIERRA LEONE

Abdul R S[1], Samba P T[2] and Saidu K[2]
[1]Animal Science Department, Njala University, PMB, Freetown, Sierra Leone.
Email: arsesay@njala.edu.sl
[2]Sierra Leone Agricultural Research Institute, Teko Livestock Research Center, Makeni

Abstract

This study was conducted in order to document and preserve valuable indigenous knowledge in cattle breeding and production under traditional cattle production system in Sierra Leone. Data were collected from thirty (30) cattle farms from three locations: Gbindi (16 farms), Sackelereh (7 farms), and Flamansa (7 farms) in the Sinkunia Chiefdom, Koinadugu District. A total of 85 herdsmen and 45 women were interviewed using a semi-structured questionnaire and by direct observation. Data were analyzed using percentages based on how interviewee agreed on issues discussed. The number of years engaged in cattle production ranged from 4 to 57 years with a mean of 24 years. The most important factor in selecting breeding stock was survivability expressed in terms of coat color. Solid fawn color was the most preferred (93%) followed by complete spotted and the least preferred is partial spotted.

The Ndama is the only indigenous breed of cattle available in Sierra Leone. Bulls selected for breeding are usually selected from third parity progeny (95%) from dams with relatively high milk yield, good mothering ability and docile. The bull calf must be fast growing and fairly aggressive from amongst its contemporaries. Horn orientation is critical as herdsmen believe it predicts the future growth of the herd's size. Potential bulls with horns pointing forwards are the most preferred (99%) and the least preferred are horns pointing backwards or outwards. Spiral horns are considered a bad omen. Also considered very important in a potential bull is a very good body conformation such as a straight top line, long body, good legs, and long tail with a healthy coat color. Almost all female calves are retained for replacement and are culled after failing to conceive when expected, aggressive behavior, poor mothering ability and relatively low milk yield. Milking is mostly done by the women and expressed preference for cows with four teats over cows with two teats. The longer the teats and widely separated the better for ease of milking compared to shorter teats that are close to each other.

Women play a critical role in breeding decision making in determining the future composition of the herd as they handle the animals closely on a regular basis. Though individual differences do exists amongst cattle farmers in selecting breeding stock yet they have several parameters that are very common as indicated in this study which can be utilized for further scientific investigation.

Key words: indigenous knowledge, cattle, breeding

CONNAISSANCES AUTOCHTONES EN MATIÈRE D'ÉLEVAGE BOVIN EN SIERRA LEONE

Résumé

La présente étude a été réalisée dans le but de documenter et de préserver les connaissances autochtones précieuses en matière d'élevage bovin dans le système d'élevage bovin traditionnel en Sierra Leone. Des données ont été recueillies auprès de trente (30) fermes de bovins dans trois localités : Gbindi (16 fermes), Sackelereh (7 fermes), et Flamansa (7 fermes) dans la chefferie de Sinkunia du district de Koinadugu. Au total, 85 éleveurs et 45 femmes ont été interrogés à l'aide d'un questionnaire semi-structuré, et l'observation directe a été également utilisée. Les données ont été analysées à l'aide des pourcentages basés sur la volonté de la personne interrogée d'aborder les questions discutées. Le nombre d'années passées dans la production de bovins variait de 4 à 57 ans avec une moyenne de 24 ans. Le facteur le plus important dans le choix des reproducteurs était la capacité de survie exprimée en termes de couleur de

robe. Le pelage de couleur fauve unie était le plus préféré (93%), suivi du pelage complètement tacheté, le moins préféré étant le pelage partiellement tacheté.

La race Ndama est la seule race bovine indigène qu'on retrouve en Sierra Leone. Les taureaux sélectionnés pour la reproduction sont habituellement choisis dans la progéniture de la troisième parité (95%) descendant de vaches-mères ayant un rendement laitier relativement élevé et une bonne capacité de maternage, et qui sont dociles. Le taurillon doit avoir une croissance rapide et être assez agressif parmi ses contemporains. L'orientation des cornes est cruciale, car les éleveurs croient qu'elle prédit la croissance future de la taille du troupeau. Les taureaux potentiels ayant des cornes pointant vers l'avant sont plus préférés (99%), et les moins préférés sont ceux qui ont des cornes pointant vers l'arrière ou vers l'extérieur. Les cornes en spirale sont considérées comme un mauvais présage. Un élément également considéré comme très important chez un taureau potentiel est une très bonne conformation du corps, notamment une ligne supérieure droite, un long corps, de belles pattes, et une longue queue avec un pelage sain. Presque toutes les génisses sont retenues pour le remplacement, et sont abattues après échec à concevoir au moment prévu, ou lorsqu'elles affichent un comportement agressif, une faible capacité de maternage et un rendement laitier relativement faible. La traite est principalement faite par les femmes, et les vaches ayant plus de quatre trayons sont préférables par rapport à celles qui n'ont que deux trayons. Plus les trayons sont longs et largement séparés, plus ils sont faciles à traire par rapport aux trayons plus courts qui sont rapprochés les uns des autres.

Les femmes jouent un rôle essentiel dans l'élevage, et dans la prise de décision pour déterminer la composition future du troupeau car elles gèrent de près les animaux sur une base régulière. Bien que les éleveurs montrent des différences individuelles en ce qui concerne la sélection des reproducteurs, ils ont plusieurs paramètres en commun, comme l'indique cette étude qui peut être utilisée comme complément des études scientifiques.

Mots clés : connaissances autochtones, bovin, élevage

Introduction

Sierra Leone is located in the humid tropics of West Africa with an annual rainfall average of about 3,000 mm, ranging from 2,000 mm in the north to 4,000 mm in the south. Average monthly temperatures range from 23oC to 33oC. Out of the 72,000 km2 land resource, about 5.4 million hectares of the total land area are considered arable, comprising 4.20 million hectares of uplands, 1.2 million hectares are lowlands. The areas most suitable for grazing livestock are the savanna types totaling 16,738 km2 or 23.2% of the country, and the grassland types totaling 4,411km2 or 6.1% of the country concentrated mostly in the Northern Province. The major agricultural activity is crop production especially rice followed by cassava and potato cultivated throughout the country.

Cattle ownership and production in Sierra Leone is mostly by Fula tribesmen who are migrants from neighboring Guinea with no land rights. Over 40% of cattle production is concentrated in the Northern Province entirely under traditional transhumance management system. At the end of the civil war in 2002, the national herd was estimated at 40,000 heads as compared to the last cattle population estimate of 333,222 in 1979 by Hunting Technical Services Limited. This drop in cattle population was attributed to a greater percentage of cattle being moved across the border to neighboring Guinea and also to the mass and indiscriminate slaughter of cattle by warring factions during the war. Currently, local cattle production accounts for only 20% of cattle traded in the market and the rest originates from neighboring Guinea.

The Northern Province where cattle production is highly concentrated is now experiencing a boom in mining activities and establishment of large plantations of sugar cane for biofuels among others thereby affecting the traditional cattle management system. Disputes between the majority indigenous crop farmers and the cattle owners are quite common sometimes even deaths have been reported. This situation has necessitated a number of cattle owners moving their herds from the

north to the south and east of the country beyond their wish. A recent development amongst cattle farming communities is the high numbers of children being sent to school due to mass sensitization. These issues pose a threat to the traditional cattle management practices consequently leading to low cattle production levels and a gradual erosion of valuable indigenous knowledge being lost as a result of decreasing numbers of cattle farmers as the younger generation are leaving the farming environment. The present study is designed to document and preserve valuable indigenous knowledge in cattle breeding and production as practiced under local conditions in Sierra Leone. On a recent study of cattle and small ruminant value chain (Kumar *et al.,* 2010) recommended that indigenes who are mainly crop growers be encouraged to integrate their farming with cattle under semi-intensive management system in order to increase cattle numbers and making use of the abundant natural resources such as water, fodder and crop residues available.

Methodology

The study was conducted in the Koinadugu District, Northern Province of Sierra Leone. Data was collected from thirty (30) locally called "worreh" from three locations: Gbindi (16 farms), Sackelereh (7 farms), and Flamansa (7 farms) in the Sinkunia Chiefdom, Koinadugu District. A "worreh" is a settlement consisting of herders together with their family and the cattle being herded. A total of 85 herdsmen and 45 women were interviewed using a semi-structured questionnaire. The herdsmen in each worreh were interviewed first followed by the women. The women interviewed were mostly the wives of the older herdsmen and some elderly female children living in the worreh. Thereafter, a tour looking at was the cattle in their holding facility is conducted. Data were analyzed using percentages assessed on how much agreement all the interviewees have on a particular breeding or production issue.

Results and discussion

The Ndama is the only indigenous breed of cattle available in Sierra Leone raised by cattle farmers. A few remnants of Ndama/Sahiwal crosses are also available in some herds. The cattle farmers with their families live in encampments called "worreh" within the grazing land allocated to them by the village community. Existing worreh sites for most cattle farmers are moved to a new site at approximately three years interval; some of the worrehs have been established and settled in the same place for over 30 years. The worreh is constructed mostly using materials collected from the surrounding bush. The cattle are normally herded by day in controlled areas and enclosed at night in an enclosure called a "dinkra" within the worreh. The size of the dinkra varies considerably and it depends on the number of cattle kept.

Cattle production is purely traditional subsistence management system with very minimal input with no commercial orientation i.e. cattle are only sold when the owners are in dire need of cash. Cattle production is considered a family heritage the older generation passing on their stock, knowledge and skills to the younger generation. It was observed that all the herdsman have been engaged in cattle rearing since childhood with 83% of them acquiring their skills and knowledge from their own elderly family members and 13% from non-family members. Herdsmen who acquired their knowledge from non-family members were those whose parents were unable to establish their own stock or employed by owners of cattle who lack male children. According to information collected from the study, the average number of years in cattle herding was twenty four (24) years with a range of 4 to 57 years. It was also observed that 70% of the herdsmen managed cattle owned by their family and the other 30% are employee herdsmen. In a single herd one could find different ownership of the cattle. Some belong to other family members, including women who usually acquire them on marriage and a small number may also belong to other ethnic









groups who lack the knowledge in raising cattle. The herd size ranges from 7 to 130 heads with a mean of 9 males and 24 females. Each herd of cattle has a minimum number of 2 herdsmen in a worreh whose duties can be complemented by younger members of the family.

Criteria for breeding stock selection

Survivability (Adaptability)

Cattle farmers over the years have gained experience as to which characteristics will ensure the survivability of animals under high humidity, heavy rains with high insect infestation and a long dry season with limited feed and water supply that characterize the local environment in Sierra Leone. Cattle with fawn color locally called "Winleh", have been found to have high levels of survivability during disease outbreaks and the most preferred. This was followed by cattle with a hair coat of two colors of small sized spots covering the entire body. Cattle that are partially spotted with dark faces are associated with evil and could be seen to be isolated and grazing away from the rest of the herd which can be aggressive to them.

Bull selection

One bull is selected at a time from the entire herd and replaced after every three to four years. Women play a critical role in the selection of the bull as this has a lot to do with their income generation through the sale of milk which they heavily relied on instead of the sale of animals. The prospective bull is normally selected from cows in their third calving and must be fast growing among its contemporaries with a dominant character. Milk is collected from cows based on the growth and general wellbeing of their calves. A dam having a calf that is fast growing is allowed very little suckling so that most of the milk is collected for either home consumption or for sale. Dams with weak and slow growing calves are not milked. The women are the first to identify the prospective bull which will then be later decided by the herdsmen as it matures in its third and fourth year.

According to this study, 99% of the herdsmen preferred a bull with horns pointing forwards. It is believed that such bulls have progeny with a high disease resistance, high survival rate of calves, high fertility in terms of cows getting pregnant and decrease mortality. The least preferred are horns pointing backwards and/or outwards. Cattle with spiral horns and other abnormal shaped horns are believed to be a progeny of an evil spirit mating with a cow and immediately discarded from the herd.

Body configuration

According to this study, herdsmen have a preference for bulls with very big head, big eyes and ears with a short neck having a small dewlap to support the head. The muscles covering the body must be firm. The legs must also be long and firm with no hoof defects. The tail must be long to be able to drive away the heavy load of insects and other parasites. The bull's two testes should be fully descended into the scrotum and fairly large in size. There should be no scar on the scrotum as this will help to prevent infertility within the farm, or producing defected calves within the farm that will retard the progress of the farm. Bulls with single testis are culled.

Aggressiveness

The bull should be mild to its owners but hostile to other people or bulls from neighboring worrehs. The bull serves as a security for the herd preventing thieves invading the worreh. Bulls also serve to ward off wild game especially where they are many from mating with the females from the surrounding forests.

Cow selection

Almost all females are retained for replacement and are culled only when they possess undesirable characteristics in terms of coat color, horn shape and orientation as mentioned earlier. Cows can also be culled later after failing to conceive when expected, aggressive behavior, poor mothering ability and relatively low milk yield. Milking is mostly done by the women and expressed preference for cows with four teats with medium sized udders over cows with small udders and/or two teats. The longer the teats and widely separated the better for ease of milking compared to shorter teats that are close to each other.

Conclusion

Cattle farmers have several parameters they share in common in selecting their breeding stock although minor individual differences do exists. Women play a critical role in breeding decision making of cattle as they have a better understanding of the animals based on their regular interaction with them especially during milking and cleaning of the dinkra. The composition of the herd must be such that it the animals are easy to handle, performing well in terms of survival, growth and milk yield for sustainable livelihood upon. Cattle herds have managed to survive and reproduce with minimum input providing sustainable livelihoods for their owners from indigenous knowledge and skills for many generations.

References

Kohler-Rollefson, I. (2000). Management of Animal Genetic Diversity at community level, Eschborn.

Nicolas Gorjestani (2000). Indigenous Knowledge for Development - Opportunities and Challenges

Enna Sukutai Gudhlanga and Godwin Makaudze. Indigenous knowledge systems: Confirming a legacy of civilisation and culture on the African continent. Prime Journal of Social Science (PJSS). ISSN: 2315-5051. Vol. 1(4), pp. 72-77, August 2nd, 2012. www.primejournal.org/PJSS.

Kumar R, Singh M K, Davy Denadi, S P (2010) - Value Chain Study Report on Cattle and Small Ruminants in Koinadugu Districts, Sierra Leone.

Core Welfare Indicator Questionnaire Survey, Final Statistical Report, Government of Sierra Leone, November 2007

Sierra Leone Livestock Development Study Report - Hunting Technical Services Limited. 1979. Volumes I and II.

Population and Housing Census (2004), Analytical report on agriculture

Integrated Development of the Agricultural sector, Sierra Leone – The Livestock Industry: ESE: SF/SIL3; Technical Report 6.

Review of the livestock sector with respect to smallholder dairy and livestock and meat sub sectors development in West Africa - Sierra Leone Country Report

GENETIC DIVERSITY OF GHANAIAN LOCAL CHICKEN POPULATIONS BASED ON MICROSATELLITE AND MITOCHONDRIAL DNA ANALYSIS

**Kayang B B[1,3], Naazie A[4], Kinoshita K[5], Mizutani M[5], Nirasawa K[6], Nakamura A[7], Nagao K[7], Hayakawa H[8], Fujiwara K[9], Inoue-Murayama M[1]

[1]Wildlife Research Center of Kyoto University, Kyoto 606-8203, Japan

[2]Graduate School of Science, Kyoto University, Kyoto 606-8502, Japan

[3]Department of Animal Science, College of Basic and Applied Sciences, University of Ghana, Legon, Ghana

[4]Livestock and Poultry Research Centre, College of Basic and Applied Sciences, University of Ghana, Legon, Ghana

[5]Avian Bioscience Research Center, Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University, Nagoya 464-8601, Japan

[6]Animal Breeding and Reproduction Research Team, National Institute of Livestock and Grassland Science, Tsukuba 305-0901, Japan

[7]Poultry Laboratory, Animal Husbandry Research Division, Aichi Agricultural Research Center, Aichi 480-1193, Japan

[8]Poultry Research Department, Gifu Prefectural Livestock Research Institute, Seki 501-3924, Japan

[9]Ibaraki Prefectural Northern Regional Livestock Hygiene Service Center, Mito 310-0002, Japan

Abstract

In Ghana, local chickens are raised across distinct agro-ecological zones and constitute unique populations with variable phenotypes that need to be characterized to provide needed information for the conservation of useful genotypes against future needs. In particular, the Interior Savannah (GHIS) in the north, the Forest (GHFO) in the southwest and the Coastal Savannah (GHCS) along the coast in the southeast are of special interest because they cover a wide land area and have contrasting geographical features. An earlier study on the genetic diversity of local chicken populations in GHIS and GHFO based on microsatellite polymorphisms revealed high genetic diversity but absence of substructuring. In the current study, we expanded the scope by (1) including the local chicken population in GHCS, (2) carrying out population genetic analysis based on microsatellite and mitochondrial DNA (mtDNA) polymorphisms, and (3) examining their extent of genetic differentiation and phylogenetic relationships with three Japanese native breeds, three purebred lines, and a wild-derived Red Junglefowl population. The results suggest that the Ghanaian chicken populations have a variety of unique alleles and are characterized by high genetic diversity with little differentiation according to agro-ecological zones. They seem to derive from a combination of egg- and meat-type breeds and these findings were corroborated by mtDNA analysis that indicated a common matriarchal lineage of Ghanaian local chickens with the ancestral Red Junglefowl.

Keywords: Ghanaian Local Chickens, Genetic Diversity, Microsatellite, Mitochondrial DNA.

DIVERSITE GENETIQUE DES POPULATIONS DE POULETS LOCAUX SUR BASE D'ANALYSES D'ADN MICROSATELLITE ET MITOCHONDRIAL

Résumé

Au Ghana, les poulets locaux sont élevés dans des zones agro-écologiques distinctes et constituent des populations uniques avec des phénotypes variables qui doivent être soumis à une caractérisation afin d'avoir les informations nécessaires à la conservation de génotypes utiles pour les besoins futurs. En particulier, la Savane intérieure (GHIS) dans le nord, la Forêt (GHFO) dans le sud-ouest et la Savane côtière

Corresponding author email: bbkayang@ug.edu.gh; bbkayang@hotmail.com

(GHCS) le long de la côte dans le sud-est revêtent un intérêt particulier, car ces régions couvrent une grande superficie terrestre et ont des caractéristiques géographiques contrastées. Une étude antérieure sur la diversité génétique des populations de poulets locaux dans la GHIS et la GHFO sur base des polymorphismes de microsatellites a révélé une grande diversité génétique, mais a identifié une absence de sous-structuration. Dans la présente étude, nous avons élargi le champ d'application en (1) incluant la population de poulets locaux dans la GHCS, (2) en réalisant une analyse génétique de la population sur base des polymorphismes d'ADN microsatellite et mitochondrial (ADNmt), et (3) en examinant leur degré de différenciation génétique ainsi que les relations phylogénétiques avec trois races indigènes japonaises, trois lignées de race pure, et une population de Red Junglefowl dérivée des espèces sauvages. Les résultats font penser que les populations de poulets ghanéens ont une variété d'allèles uniques et se caractérisent par une grande diversité génétique, avec peu de différenciation sur base des zones agro-écologiques. Elles semblent résulter d'une combinaison de races de type - œuf et viande - et ces conclusions ont été corroborées par l'analyse de l'ADNmt qui a révélé une lignée matriarcale commune des poulets locaux ghanéens avec le Red Junglefowl ancestral.

Mots-clés : poulets locaux ghanéens, diversité génétique, microsatellite, ADN mitochondrial

Introduction

Most of the world's poultry genetic diversity comes from local breeds, which make up 95% of the total poultry population in developing countries (FAO, 2008) where they constitute a very important means of livelihood to resource-poor farmers. These local breeds are well-adapted to the wide range of conditions in which they are found and there is currently an increasing interest to thoroughly study them as a basis for enhancing their sustainable use and conservation.

In Africa, indigenous chickens make an important contribution to the livelihoods of smallholder families and constitute 80% of the over 1.3 billion chickens found on the continent (FAO, 2006). These chickens have not been subjected to formal selection for any commercial production traits and are mainly raised by peasant farmers under a scavenging system of production. Consequently, indigenous chickens possess unique adaptive traits that permit them to thrive under the harsh climatic, nutritional and management conditions typical of low input-output production systems (Mwacharo *et al.,* 2006). As a result of geographic isolation and rearing under different agro-ecological zones, specific ecotypes are locally recognized and some studies have revealed large variation in production and reproductive performance (Tadelle *et al.,* 2003) as well as confirmed disease resistance in local chickens (Msoffe, *et al.,* 2006).

Recently, efforts made in characterizing the inherent genetic diversity of local chickens in Africa have revealed genetic subdivisions between Kenyan/Ugandan chicken populations and Ethiopian/Sudanese chicken populations (Mwacharo *et al.,* 2007) but indicated absence of population substructuring in Zimbabwean chicken ecotypes. These studies were made using microsatellites. However, there is also increasing interest to investigate the origin and dispersal of domestic chickens. For such studies, mtDNA is better suited because it is maternally inherited, haploid and nonrecombining (Avise, 2004), has a faster (10x) evolution rate compared to nuclear DNA (Brown *et al.,* 1979) and evolves primarily as single base-pair substitutions (at least in mammals), rarely with major sequence rearrangement (Wolstenholme, 1992). Indeed, mtDNA analysis was the basis for suggesting the Red Junglefowl subspecies in Thailand (Gallus gallus gallus) as the sole progenitor of domestic chicken (Akishinonomiya *et al.,* 1996) although recent studies have suggested multiple origins (Liu, *et al.,* 2006; Oka, *et al.,* 2007; Silva, *et al.,* 2009). Quite recently, Muchadeyi et al. (2008) made similar efforts and traced the origin of Zimbabwean village chickens to Southeast Asia and India. Such studies are however yet to be conducted on West African chickens.

In Ghana, local chickens are a vital socio-economic asset, providing resource-poor peasant farmers with an important means of livelihood in the form of meat and eggs, as well as fulfilling financial exigencies and socio-cultural obligations (Naazie *et al.,* 2007). These chickens consist of variable phenotypes and are raised across three distinct agro-ecological zones: Interior Savannah (GHIS) in the north, Forest (GHFO) in the southwest and Coastal Savannah (GHCS) along the coast in the southeast. Within eco-zones, geographic isolation could lead to the formation of subpopulations through the forces of natural selection. Therefore, characterizing the genetic structure of these populations is an important first step to reveal the uniqueness of these populations and to identify valuable genetic resources. Recently, we carried out a limited study on the genetic diversity of chicken populations in GHIS and GHFO based on microsatellite polymorphisms and found high genetic diversity but absence of substructuring (Osei-Amponsah *et al.,* 2010). The exclusion of a major eco-zone (GHCS) from that study necessitated this work, which also included mtDNA analysis and expanded the range of chicken populations for comparison.

The aim of this study was to characterize the genetic diversity of local chicken populations sampled from three different agro-ecological zones of Ghana based on microsatellite and mtDNA polymorphisms, and to examine their extent of genetic differentiation and phylogenetic relationships with Japanese native breeds, purebred lines, and a wild-derived Red Junglefowl population. By using a subset of the FAO-recommended microsatellite panel, the results can be compared to others that utilized the same panel and thus contribute to the growing data on the genetics of the African indigenous chickens.

Materials and Methods

Sample collection

Samples were obtained from three local chicken populations in different agro-ecological zones of Ghana. Ghana is located on the southern coast of West Africa between latitudes 4o44' N and 11o11' N and longitudes 3o 11' W and 1o11' E. It has a land area of 238,539 km2. The three sampling zones vary in rainfall distribution and temperature patterns. These are the Interior Savannah (GHIS) in the north, comprising the Sudan and the Guinea savannahs, the Forest (GHFO) in the southwest, made up of the Rain and Deciduous forests, and the Coastal Savannah (GHCS) along the coast in the southeast. GHIS is relatively hot and dry, GHFO is hot and humid, while GHCS is warm and comparatively dry. The rainfall pattern is uni-modal in GHIS and bi-modal in the other zones, with the mean annual rainfall ranging from 800 mm in GHCS to 2,200 mm in GHFO. Fifty chickens were sampled in GHIS, 53 in GHFO, and 96 in GHCS. A maximum of two mature birds from households located at least 0.5 km apart were sampled to minimize the chances of including genetically related individuals.

Three Japanese native chicken breeds (Nagoya, Mikawa, and Gifujidori) were sampled, as well as egg-type (White Leghorn, WL; Fayoumi) and meat-type (Rhode Island Red, RIR) breeds for comparative purposes (Table 2). A Red Junglefowl (RJ) population was included as reference out-group.

Microsatellite genotyping

Genomic DNA was extracted from blood or feather samples using the QIAGEN DNeasy Tissue kit (QIAGEN, Valencia, CA, USA). Twenty-one microsatellite markers from the recommended FAO panel were used in multiplex PCR reactions with sets of five to seven primer-pairs employing the QIAGEN Multiplex PCR kit (QIAGEN). PCR was carried out in 10 µl reactions containing 20 ng of DNA template, 0.2 µl of each primer and 1x QIAGEN Multiplex PCR Master Mix. After an initial incubation of 95°C for 15 min, PCR amplification was performed for 30 cycles consisting of 94°C for 30 sec, 55°C or 60°C for 90 sec, 72°C for 60 sec, followed by a final extension of 60°C for 30 min. Subsequently, the PCR products were electrophoresed on an ABI 3100 DNA Sequencer (Applied Biosystems

Division, Foster City, CA, USA) and the sizes of the fragments were estimated based on fluorescently labelled forward primers (FAM, NED, and HEX) using the GENESCAN and GENOTYPER software (Applied Biosystems).

Mitochondrial DNA sequencing

Partial mtDNA D-loop region (602 bp) was amplified from a total of 53 chickens randomly selected from the sampled populations: GHIS (n=10), GHFO (n=10), GHCS (n=10), Nagoya (n=4), Mikawa (n=4), Gifujidori (n=2), WL (n=2), RIR (n=3), Fayoumi (n=6), and RJ (n=2). PCR products were obtained with forward and reverse primers described by Silva et al. (2009) using AmpliTaq Gold™ DNA polymerase (Applied Biosystems) and purified with the High Pure PCR Product Purification kit (Roche, Mannheim, Germany). The BigDye terminator cycle sequencing kit v. 3.1 and ABI 3100 DNA sequencer (Applied Biosystems) were used for sequence analysis.

Data analyses

For the microsatellite data, the total number of observed alleles, allele frequencies, average number of observed alleles per locus, observed and expected heterozygosities, and inbreeding coefficients (FIS) per population were determined using POPGENE version 1.32 software (Yeh and Boyle, 1997). Wright's fixation indices (FIS, FST, and FIT) as estimated by Weir & Cockerham (1984) were calculated to quantify the partitioning of variance between and within populations.

To determine the proportion of genetic variability due to population substructuring, pairwise FST values were computed for all pairs of the ten populations using GENEPOP version 3.4 (Raymond and Rousset, 1995). Pairwise Nei's genetic distances were also calculated to estimate genetic relatedness using POPGENE. To determine phylogenetic relationships, Reynolds' genetic distances (Reynolds *et al.,* 1983) among pairs of populations were computed and a consensus phylogenetic tree of populations with 1,000 bootstraps over loci was generated using POPULATIONS version 1.2.30 (http://bioinformatics.org/~tryphon/populations/).

The STRUCTURE software version 2.2 (Pritchard et al, 2000) was used to cluster individuals based on multilocus genotypes using an admixture model with correlated allele frequencies. The burn-in phase consisted of 10,000 runs followed by 10,000 runs for $2 \leq K \leq 12$ with 10 runs for each K value, where K represented the number of assumed clusters to be examined.

The GENECLASS version 2.0 (Piry *et al.,* 2004) software was used to assign individual chickens to the various populations and to find out if all individuals really belonged to their original populations or not.

For the mtDNA data, a median joining network (Bandelt *et al.,* 1999) was constructed using NETWORK 4.5.1.0 software (Fluxus Technology Ltd). Haplotype diversity and components of variation were estimated with ARLEQUIN 3.5 (Excoffier and Lischer, 2010).

Results

Marker polymorphism and population diversity

For the 21 microsatellite loci, a total of 178 alleles were observed across all the ten breeds/populations, out of which 163 alleles (91.6%), including 47 unique ones (26.4%), were observed in the three Ghanaian populations (Table 1). All the microsatellite loci typed were polymorphic. The observed (Na) and effective (Ne) number of alleles per locus averaged 8.5 and 3.9 while the mean observed (Ho) and expected (He) heterozygosities were 0.461 and 0.704, respectively. For the four groups (i.e. Ghanaian local chicken populations, Japanese native breeds, the purebreds, and the RJ population), the mean observed number of alleles ranged from 2.6 (RJ) to 7.8 (Ghanaian populations; Table 2). Similarly, the mean effective number of alleles was least in RJ (2.0) and highest in the Ghanaian populations (3.0). The mean observed and expected heterozygosities were also highest in the Ghanaian populations (0.588 and 0.630, respectively).

The within-population (FIS), between-population (FST), and overall population (FIT) inbreeding coefficients for the four groups of

Table 1: Observed number and size range of alleles in all ten populations studied and the size and frequency of alleles unique to the three Ghanaian populations

Locus	Chromosome	All Ten populations (n=509)		No. of alleles	Three Ghanaian populations (n=199) Unique alleles (frequency)			
		No. of alleles	Size range (bp)		GHIS	GHFO	GHCS	Shared*
ADL268	GGA1	6	101 - 115	5				
ADL278	GGA8	8	110 - 124	8	115 (0.008)			
ADL112	GGA10	6	119 -129	6	119 (0.005)		125 (0.003)	121 (0.492)
MCW295	GGA4	10	83 -101	10				83 (0.020)
								91 (0.008)
								95 (0.023)
								99 (0.013)
								101 (0.013)
MCW216	GGA13	7	134 - 149	7	149 (0.005)	134 (0.003)		
MCW014	GGA6	8	162 - 183	6			167 (0.003)	180 (0.015)
							183 (0.003)	
MCW098	GGA4	3	255 - 260	2				
LEI234	GGA2	18	212 - 371	17			371 (0.008)	313 (0.008)
MCW111	GGA1	7	97 - 111	7			107 (0.005)	103 (0.013)
MCW078	GGA8	5	134 -142	5				
MCW222	GGA3	4	216 - 222	4				
MCW183	GGA7	11	292 - 326	11	320 (0.008)	322 (0.003)		324 (0.005)
						326 (0.003)		
LEI094	GGA4	14	246 - 287	12		279 (0.008)	256 (0.003)	248 (0.011)
							258 (0.005)	
							287 (0.005)	

Locus	Chromosome	All Ten populations (n=509)		No. of alleles	Three Ghanaian populations (n=199) Unique alleles (frequency)			
		No. of alleles	Size range (bp)		GHIS	GHFO	GHCS	Shared*
MCW069	E60C04W23	8	154 - 172	8				
MCW034	GGA2	13	214 -244	13	235 (0.003)	214 (0.005)	228 (0.003)	242 (0.028)
						219 (0.003)		
MCW037	GGA3	6	150 -156	6		151 (0.003)		156 (0.008)
MCW067	GGA10	7	172 -184	7			184 (0.005)	
MCW206	GGA2	11	220 - 247	8	238 (0.015)		243 (0.003)	247 (0.010)
MCW081	GGA5	11	109 - 134	9	121 (0.003)		123 (0.003)	109 (0.020)
							129 (0.003)	
LEI166	GGA3	7	246 - 281	5			246 (0.008)	
							264 (0.005)	
MCW330	GGA17	8	247 - 286	7				257 (0.016)
Total		178		163	7	8	15	17
Mean		8.5		7.8				
SD		3.6		3.4				

GHIS = Ghana Interior Savannah population; GHFO = Ghana Forest population; GHCS = Ghana Coastal Savannah population

Table 2: Mean observed (Na) and effective (Ne) number of alleles, observed (Ho) and expected (He) heterozygosities per population, and within-population (FIS), between-population (FST), and overall population (FIT) inbreeding coefficients in the ten populations studied

Breed/population	n	N_a ±SD	N_e ± SD	H_o ± SD	H_e ± SD	F_{IS} ± SE	F_{ST} ± SE	F_{IT} ± SE
Ghanaian populations	199	7.8 ± 3.4	3.0 ± 1.4	0.588 ± 0.112	0.630 ± 0.111	0.044 ± 0.015	0.019 ± 0.003	0.062 ± 0.016
GHIS	50	5.6 ± 2.9	2.6 ± 1.0	0.555 ± 0.158	0.577 ± 0.139			
GHFO	53	6.0 ± 2.8	3.0 ± 1.3	0.599 ± 0.113	0.631 ± 0.113			
GHCS	96	6.8 ± 2.9	3.1 ± 1.6	0.599 ± 0.118	0.640 ± 0.113			
Japanese breeds	139	4.7 ± 2.1	2.7 ± 1.4	0.398 ± 0.153	0.568 ± 0.172	0.041 ± 0.034	0.262 ± 0.033	0.293 ± 0.044
Nagoya	40	2.8 ± 1.2	2.0 ± 0.9	0.429 ± 0.220	0.440 ± 0.197			
Mikawa	40	2.6 ± 0.7	1.9 ± 0.6	0.418 ± 0.200	0.435 ± 0.187			
Gifujidori	59	3.0 ± 1.3	1.9 ± 0.8	0.365 ± 0.228	0.402 ± 0.230			
Purebreds	127	4.5 ± 1.7	2.9 ± 1.0	0.339 ± 0.092	0.611 ± 0.135	0.205 ± 0.030	0.300 ± 0.035	0.443 ± 0.035
WL	42	2.5 ± 1.0	2.0 ± 0.7	0.423 ± 0.231	0.433 ± 0.230			
RIR	43	3.7 ± 1.0	2.2 ± 0.7	0.469 ± 0.158	0.512 ± 0.138			
Fayoumi	42	2.3 ± 0.9	1.7 ± 0.5	0.124 ± 0.095	0.349 ± 0.208			
RJ	44	2.6 ± 0.8	2.0 ± 0.6	0.442 ± 0.230	0.449 ± 0.191	0.005 ± 0.050	0.000	0.005 ± 0.050

GHIS = Ghana Interior Savannah population; GHFO = Ghana Forest population; GHCS = Ghana Coastal Savannah population;WL = White Leghorn; RIR = Rhode Island Red; RJ = Red Junglefowl

Table 3: Nei's genetic distance (above diagonal) and pairwise FST (below diagonal) values between the ten chicken populations estimated using 21 microsatellite markers

Population	GHIS	GHFO	GHCS	Nagoya	Mikawa	Gifujidori	WL	RIR	Fayoumi	RJ
GHIS		0.030	0.049	0.726	0.629	0.676	0.463	0.473	0.589	0.841
GHFO	0.016		0.035	0.587	0.601	0.545	0.430	0.365	0.551	0.785
GHCS	0.027	0.016		0.556	0.580	0.540	0.419	0.418	0.596	0.681
Nagoya	0.330	0.276	0.256		0.476	0.436	1.090	0.636	1.120	0.715
Mikawa	0.310	0.282	0.264	0.326		0.556	0.981	0.799	0.885	1.138
Gifujidori	0.344	0.290	0.273	0.327	0.372		0.980	0.617	1.036	0.916
WL	0.265	0.236	0.222	0.461	0.448	0.467		0.520	0.566	0.875
RIR	0.238	0.186	0.197	0.340	0.379	0.358	0.312		0.853	0.843
Fayoumi	0.339	0.306	0.299	0.507	0.475	0.513	0.400	0.431		0.871
RJ	0.349	0.315	0.283	0.388	0.460	0.448	0.424	0.382	0.464	

GHIS = Ghana Interior Savannah population; GHFO = Ghana Forest population; GHCS = Ghana Coastal Savannah population; WL = White Leghorn; RIR = Rhode Island Red; RJ = Red Junglefowl

breeds/populations are given in Table 2. The effect of population subdivision as measured by FST was negligible in the Ghanaian populations (0.019) but very great in the Japanese native breeds (0.262) and the purebreds (0.300). However, the within-population inbreeding (FIS) values indicated that the RJ population was not inbred (0.005) while the Japanese breeds (0.041) and the Ghanaian local populations (0.044) were less inbred compared to the purebred populations (0.205).

Genetic distance and pairwise FST estimates

Table 3 presents Nei's genetic distance and pairwise FST estimates for all 21 microsatellite loci between populations. Genic differentiation (FST) values across the 21 loci ranged from 0.016 in the GHFO – GHIS/GHCS pairs to 0.513 in the Gifujidori – Fayoumi pair. Similarly, the smallest genetic distance (0.030) was observed between GHIS and GHFO and the largest (1.138) between Mikawa and Red Junglefowl (Table 3). In general, relatively low pairwise FST and genetic distance values were observed between pairs of the Ghanaian chicken populations.

Phylogenetic relationships and cluster analysis

Figure 1 shows an unrooted neighbour-joining tree of the 10 breeds/populations based on Reynolds' distance matrix. The clustering indicates separation of the Ghanaian populations and Japanese native breeds, with the former being held by very short branch lengths. Furthermore, the egg-type (WL and Fayoumi) and meat-type (RIR) breeds are separated, with the Ghanaian populations clustered in between.

The results of the STRUCTURE clustering are shown in Figure 2. The most probable clustering was observed at K=9. At K=9, all the three Japanese native breeds and the other reference breeds/populations were assigned independently into their respective clusters. The Ghanaian local populations, however, gave two clusters: one comprising GHIS and GHFO and the other made up of GHCS, with some individuals in the three populations randomly assigned to any of the

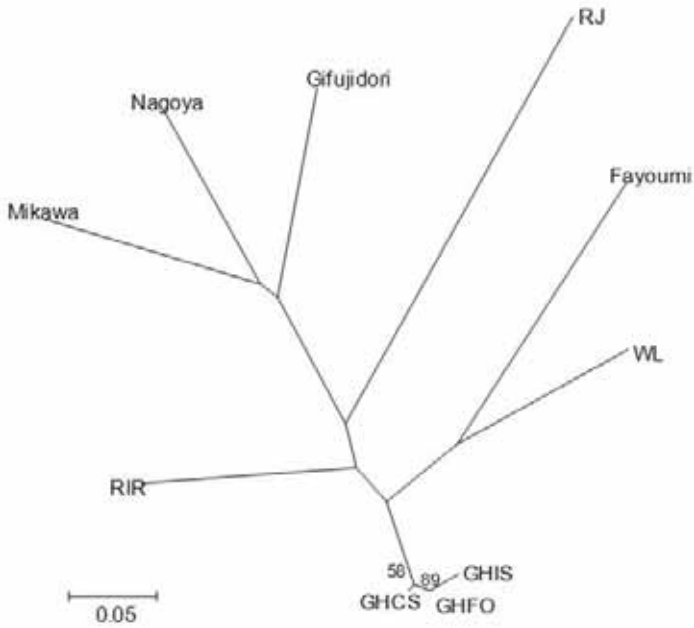
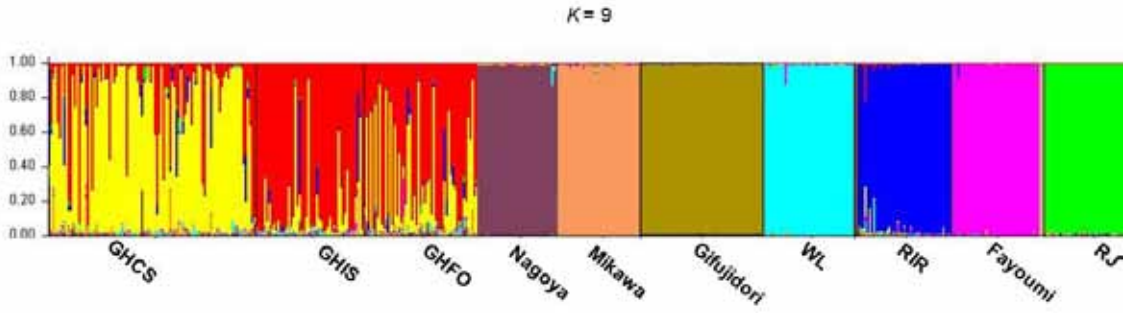


Figure 1 - Unrooted neighbor-joining tree showing phylogenetic relationship of Ghanaian local chickens, Japanese native breeds, purebred lines, and a Red Junglefowl population. GHIS = Ghana Interior Savannah population; GHFO = Ghana Forest population; GHCS = Ghana Coastal Savannah population; WL = White Leghorn; RIR = Rhode Island Red; RJ = Red Junglefowl. The consensus tree was generated with 1000 bootstraps over loci and boot-strap values lower than 50 are not shown in the diagram. The tree is drawn to scale, with branch lengths indicating the amount of divergence between nodes in the tree. The scale bar represents an amount of evolutionary change corresponding to 0. 05 nucleotide substitutions per site.



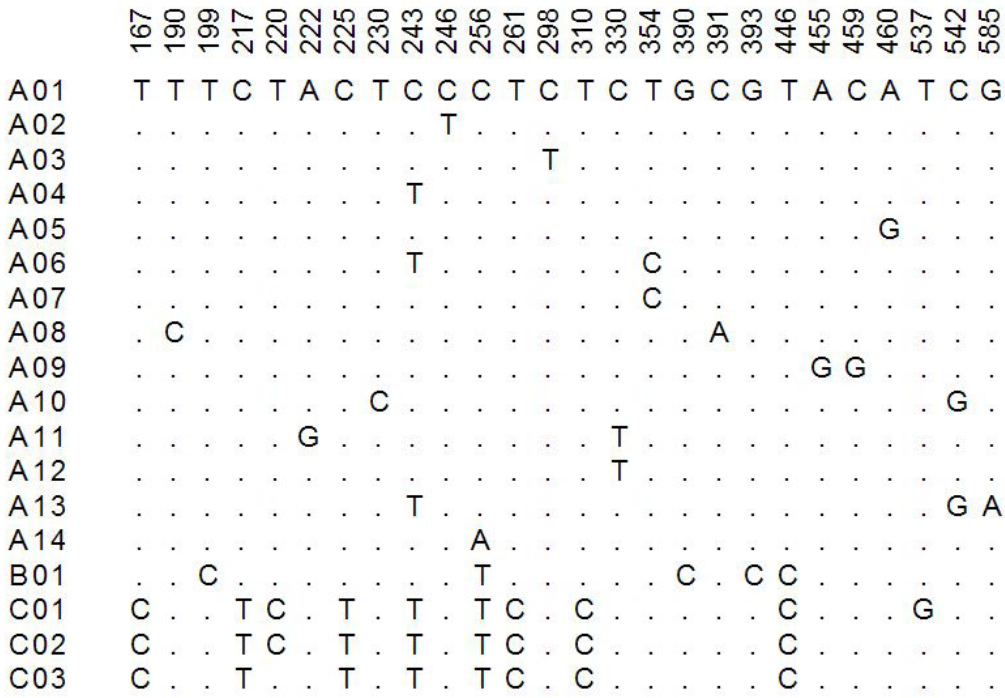


Figure 3: Nucleotide substitution in mtDNA D-loop of the 18 haplotypes observed in tree local chicken populations from Ghana (interior Savannah, Forest and Coastal Savannah) three Japanese native chicken breeds (Nagoya, Mikawa and Gifujidori), White leghorn, Rhode Island Red, Fayoumi, and Red Junglefowl. Dots indicate matching with sequence of haplotype A0!. Nucleotide position numbers at the top of the figure correspond to those of the Red Junglefowl sequence in GenBank (NC 007236).

two clusters.

Assignment of individuals to populations

Sixty-two percent (29/47) and 64% (30/47) of the Interior Savannah chickens of Ghana (GHIS) had a higher probability of assignment to the Forest (GHFO) and Coastal Savannah (GHCS), respectively (Table 4). In contrast, only 4% (2/52) of GHFO and none of GHCS chickens were assigned to GHIS. On the other hand, 52% (27/52) of GHFO chickens were assigned to GHCS whereas only 4% (4/95) of GHCS chickens were assigned to GHFO. Thus, while the majority of chickens from the Interior Savannah in the north could be traced as originating from the Forest zone or Coastal Savannah in the south, very few or no chickens from the latter two zones were assignable to the north. Since many of the chickens from the Forest zone were also traced to the Coastal zone, with very few chickens from the latter deriving from the former, this supports the south-north dispersal of chickens postulated in our earlier study (Osei-Amponsah *et al.,* 2010) that was based on only the Forest and Interior Savannah chicken populations.

Network analysis and mtDNA haplotype diversity

A total of 26 variable sites that defined 18 haplotypes were observed in the 53 chickens from the 10 breeds/populations studied (Figure 3). These sequence variations were all due to substitution mutations, of which 85% were transitions. Three major haplotypes (A01, A14, and C03) were observed (Table 5). Haplotype A01 occurred at a frequency of 40% and was distributed mainly in the three Ghanaian chicken populations (63%) and in the Red Junglefowl. Haplotype A14 (with a frequency of 11%) occurred only in Fayoumi while haplotype C03 (with a frequency of 9%) was observed only in Nagoya and Mikawa breeds.

As shown in the median joining network (Figure 4), the 18 haplotypes clustered into

Table 5: Distribution of mtDNA D-loop haplotypes in Ghanaian local chicken populations, Japanese native chicken breeds, purebreds, and a Red Junglefowl (RJ) population.

Haplotype	GenBank Accession No.	GHIS	GHFO	GHCS	Nagoya	Mikawa	Gifujidori	WL	RIR	Fayoumi	RJ	Total
A01	AB526198	7	8	4							2	21
A02	AB526199	1										1
A03	AB526200			1								1
A04	AB526201			2				1				3
A05	AB526202		1									1
A06	AB526203		1									1
A07	AB526204	1		1								2
A08	AB526205			1								1
A09	AB526206			1								1
A10	AB526207	1										1
A11	AB526208								1			1
A12	AB526209								2			2
A13	AB526210							1				1
A14	AB526211									6		6
B01	AB526212						2					2
C01	AB526213				1							1
C02	AB526214				2							2
C03	AB526215				1	4						5
Total		**10**	**10**	**10**	**4**	**4**	**2**	**2**	**3**	**6**	**2**	**53**

Ghanaian populations: Ghana Interior Savannah (GHIS), Ghana Forest (GHFO), Ghana Coastal Savannah (GHCS)
Japanese native breeds: Nagoya, Mikawa, Gifujidori
Purebreds:White Leghorn (WL), Rhode Island Red (RIR)

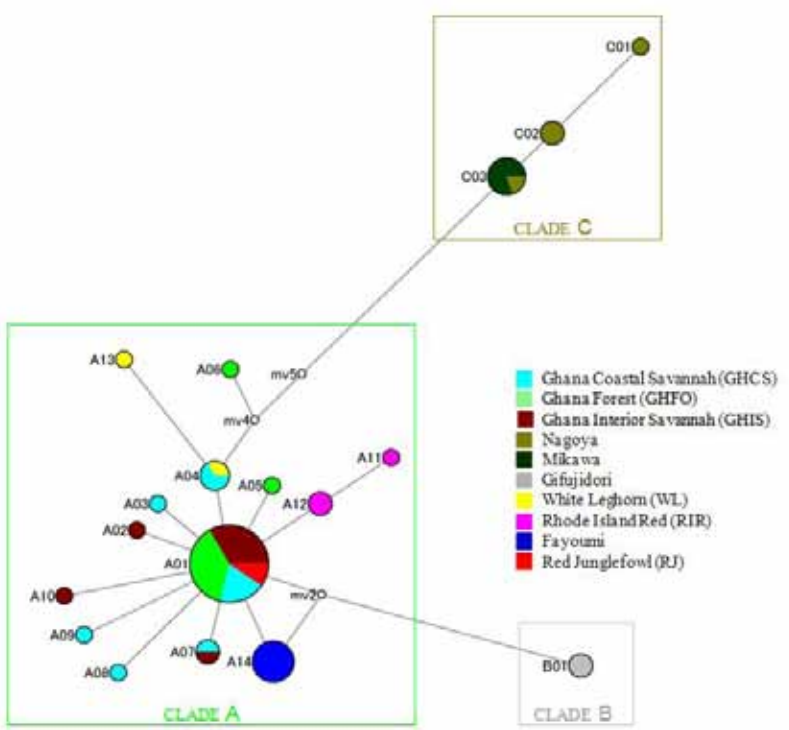


Figure 4: Median joining network of 602-bp partial D-loop sequence from Ghanaian local chickens, Japanese native breeds purebred lines and a Red JungleFlow population Individual haplotypes are represented by circles whose size are proportional within each haplotype. Empty circles represent median vectors used in connecting indirectly treated haplotypes.

three main clades. Clade A had 14 haplotypes, with haplotype A01 as its origin. The haplotypes in this clade were mainly from chicken populations from the three Ghanaian eco-zones (GHCS, GHFO, and GHIS). Interestingly, the ancestor of chicken (Red Junglefowl) as well as egg-type (White Leghorn and Fayoumi) and meat-type (Rhode Island Red) breeds were included in this clade. Within clade A, haplotypes were separated by one to three nucleotide substitutions. The Japanese native breeds were split into clades B and C, with clade B consisting solely of Gifujidori and clade C comprising Nagoya and Mikawa breeds. The three haplotypes in clade C were separated by one or two nucleotide substitutions.

Apart from Mikawa, Gifujidori, Fayoumi, and RJ, which were each represented by one haplotype, mtDNA haplotype diversity was moderate in GHFO and high in the other breeds/populations (Table 6). Within-population diversity accounted for most of the total variation in the Ghanaian populations, whereas in the Japanese native breeds, purebreds, and Red Junglefowl population, among-population diversity was the major contributor to the total variation. Diversity was also high among the three clades except clade B, which had just one haplotype, and among-clade diversity accounted for most of the total variation. Population differentiation (FST) was negligible in the Ghanaian populations but highly significant ($P < 0.001$) in the Japanese native breeds, the purebreds, and the Red Junglefowl population.

Discussion

Microsatellites have gained widespread use as effective tools in studying the genetic diversity of various animal populations. In this study, we investigated the diversity of three Ghanaian local chicken populations across 21 autosomal microsatellite loci and made a comparative evaluation with Japanese native

Table 6: Number of polymorphic sites, number of mtDNA D-loop haplotypes, haplotype diversity, and variance components in the chicken populations studied and the observed mtDNA D-loop clades.

Population	n	No. of polymorphic sites	No. of haplotypes	Haplotype diversity (±SE)	Variance components (% variation)			
					Within population	Among populations	Total	FST
Ghanaian populations					0.437 (97.84)	0.010 (2.16)	0.447	0.022NS
GHIS	10	4	4	0.533 ± 0.057				
GHFO	10	2	3	0.378 ± 0.057				
GHCS	10	5	6	0.844 ± 0.033				
Japanese breeds					0.214 (8.14)	2.417 (91.86)	2.631	0.919***
Nagoya	4	2	3	0.833 ± 0.056				
Mikawa	4	0	1	0.000				
Gifujidori	2	0	1	0.000				
Purebreds					0.521 (28.36)	1.315 (71.64)	1.836	0.716***
WL	2	3	2	1.000 ± 0.354				
RIR	3	4	2	0.667 ± 0.181				
Fayoumi	6	0	1	0.000				
RJ	2	0	1	0.000	-	-	-	-
mtDNA clades					0.766 (17.73)	3.554 (82.27)	4.320	0.823***
Clade A	43	15	19	0.919 ± 0.003				
Clade B	2	0	1	0.000				
Clade C	8	2	4	0.750 ± 0.049				

GHIS = Ghana Interior Savannah population; GHFO = Ghana Forest population; GHCS = Ghana Coastal Savannah population; WL = White Leghorn; RIR = Rhode Island Red; RJ = Red Junglefowl
NS, not significant
**** FST significantly > 0 (P < 0.001)*

breeds. The three Ghanaian populations were selected on the basis of the contrasting ecological zones in which they were raised by farmers. Egg- and meat-type breeds were included as reference populations and samples from a population of Red Junglefowl, the ancestor of the domestic fowl, were included as an out-group. Nearly 92% of a total of 178 alleles observed across the 21 loci were represented in the Ghanaian populations, which also contributed more unique alleles. Overall, the Ghanaian populations had the highest mean observed number of alleles and mean observed heterozygosity, thus asserting their usefulness as a source of genetic diversity. These observations are in conformity with similar studies conducted on local chickens in Zimbabwe (Mwacharo *et al.,* 2007) in which it was observed that the free-range, scavenging system upon which the African local chickens are kept likely permits the flow of genes between flocks, thus conserving a high number of alleles and heterozygosity in ecotype populations. Indeed, extensively raised and unselected chickens have been found to be genetically diverse (Wimmers *et al.,* 2000) in contrast to selected lines (Hillel *et al.,* 2003) which have been constituted from a limited number of founding populations and thus possess a lower number of alleles and reduced heterozygosity.

Phylogenetically, the three Ghanaian local chicken populations formed a cluster distinct from the other populations and in between the egg-type (WL and Fayoumi) and meat-type (RIR) populations, thus suggesting that they are derived from a combination of egg- and meat-type breeds. Among the three, the GHIS and GHFO populations were closer to each other than to the GHCS population (Figure 1). This may be attributed to the large geographical distance (over 600 km) separating the Interior (GHIS) and Coastal (GHCS) Savannahs. A similar study on East African indigenous chickens indicated that a distance of about 630 km appeared to be a significant barrier to gene flow thus enhancing genetic drift and subsequent divergence between indigenous chicken populations (Mwacharo *et al.,* 2007). However, the low between population (FST) variation (0.019) observed indicated little or no population substructuring of the Ghanaian populations according to eco-zones (Table 2). Thus, even after the inclusion of a third population to cover the entire length of Ghana, no population differentiation was detected. Similar observations of a low FST value (0.008) were made among Zimbabwean chicken ecotypes (Muchadeyi *et al.,* 2007), thus prompting more genetic analysis to verify whether this is a general trend in indigenous African chicken populations. Conversely, the relative high FST estimates for the Japanese and other breeds are a reflection of the high population divergence expected in purebred lines, which have been constituted from different founder breeds, maintained as closed stocks and selected for different production traits.

The low population substructuring of the Ghanaian local chicken populations is supported by the STRUCTURE-based clustering (Figure 2). However, the data indicates that GHIS and GHFO essentially form one population that is distinct from GHCS, although some mixing across the three populations is present. This suggests that exchange of germplasm is more frequent between GHIS and GHFO. Indeed, trading activities involving chickens follow a north-south trend in Ghana, with chickens raised in the deprived GHIS zone transported to markets in the nearer and more endowed GHFO zone. As not all chickens bought end up as food, this movement might account for the gene flow between zones and the closer phylogenetic relationship between the GHIS and GHFO populations. On the other hand, the GENECLASS assignment of individuals to populations reveals a south-north dispersal of chickens from their probable original place of introduction at the coast as discussed in our earlier study (Osei-Amponsah *et al.,* 2010). Thus, both events, coupled with the free range system of farming, could be responsible for the absence of substructuring in the Ghanaian chicken populations. However, further studies are needed to clarify the origin of Ghanaian chickens.

The network analysis based on the mtDNA D-loop sequence variations revealed distinct maternal lineages in the chicken populations studied, with the Ghanaian populations only present in clade A and the Japanese native breeds only in clades B and C. Such uniqueness of local chickens to one clade has been reported by Muchadeyi et al. (2008) in Zimbabwe and Malawi chickens. In our study, the occurrence of egg-type (White Leghorn and Fayoumi) and meat-type (Rhode Island Red) breeds together with the Ghanaian local chickens in clade A indicates a common maternal origin of these populations. These findings corroborate the results from the microsatellite study that indicated that Ghanaian local chicken populations are mixed and are derived from a combination of egg- and meat-type breeds. Significantly, the majority of Ghanaian local chickens (63%) had a common maternal origin with the ancestral Red Junglefowl, as they shared the same haplotype (A01). As they have not been subjected to formal selection for any commercial production traits, significant geographical mtDNA structuring has not evolved in the Ghanaian population and thus not much departure from their ancestral population should be anticipated.

Conclusions

The use of microsatellites has revealed that the Ghanaian chicken populations have a variety of unique alleles and are characterized by high genetic diversity with little differentiation according to agro-ecological zones. The results suggest that they are derived from a combination of egg- and meat-type breeds and that comparison of phenotype and genotype would provide information for selection. These findings were corroborated by mtDNA analysis that indicated a common matriarchal lineage of Ghanaian local chickens with the ancestral Red Junglefowl. Further studies based on other marker types such as Y-chromosome and SNPs would help to clarify their phylogenetic relationships with other breeds as well as elucidate the evolutionary history of Ghanaian local chickens.

Acknowledgements

We are thankful to the Ghanaian farmers in the three ecological zones for their cooperation and to the Agricultural Extension Officers of the Ministry of Food and Agriculture in Ghana for facilitating contact with the farmers. We also grateful acknowledge Prof. Shin'ichi Ito, a retired Professor of Gifu University, Japan for his invaluable comments and direction during the study. This study was supported financially by the Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology (MEXT) with a Grant-in-aid for Science Research (#21310150 to MI-M) and Japan Society for the Promotion of Science (JSPS).

References

Akishinonomiya F, Miyake T, Takada M, Shingu R, Endo T, Gojobori T, Kondo N, Ohno S, 1996. Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls. Proceedings of the National Academy of Sciences, USA, 93:6792-6795.

Avise JC, 2004. Molecular markers, natural history, and evolution, 2nd ed. Sunderland, MA: Sinauer Associates, Inc.

Bandelt HJ, Forster P, Röhl A, 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. Molecular Biology and Evolution, 16:37-48.

Brown WM, George M Jr, Wilson AC, 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. Proceedings of the National Academy of Sciences, USA, 76:1967-1971.

Excoffier, L, Lischer HEL, 2010. Arlequin suite ver 3.5:A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. Molecular Ecology Resources, 10: 564-567.

FAO, 2006. Statistical Yearbook 2005-2006. Vol. 2/1 FAO, Rome.

FAO, 2008. Poultry in the 21st Century: avian influenza and beyond. FAO animal production and health 9 proceedings. FAO, Rome.

Hillel J, Groenen MAM, Tixier-Boichard M, Korol

AB, David L, Kirzhner VM, Burke T, Barre-Dirie A, Crooijmans RPMA, Elo K, 2003. Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. Genetics Selection Evolution, 35:533-557.

Liu YP, Wu GS, Yao YG, Miao YW, Luikart G, Baig M, Beja-Pereira A, Ding ZL, Palanichamy MG, Zhang YP, 2006. Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles. Molecular Phylogenetics and Evolution, 38:12-19.

Msoffe PLM, Minga UM, Mtambo MMA, Gwakisa PS, Olsen JE, 2006. Differences in resistance to Salmonella enterica serovar Gallinarum infection among indigenous local chicken ecotypes in Tanzania. Avian Pathology, 35:270-276.

Muchadeyi FC, Eding H, Wollny CBA, Groeneveld E, Makuza SM, Shamseldin R, Simianer H, Weigend S, 2007. Absence of population substructuring in Zimbabwe chicken ecotypes inferred using microsatellite analysis. Animal Genetics, 38:332-339.

Muchadeyi FC, Eding H, Simianer H, Wollny CBA, Groeneveld E, Weigend S, 2008. Mitochondrial DNA D-loop sequences suggest a Southeast Asian and Indian origin of Zimbabwean village chickens. Animal Genetics, 39:615-622.

Mwacharo JM, Jianlin H, Amano T, 2006. Native African chicken: valuable genetic resources for future breeding improvement. The Journal of Animal Genetics, 34:63-69.

Mwacharo JM, Nomura K, Hanada H, Jianlin H, Hanotte O, Amano T: Genetic relationships among Kenyan and other East African indigenous chickens. Animal Genetics, 2007, 38:485-490.

Naazie A, Canacoo EA, Mwinbong C, 2007. Socio-cultural aspects of poultry production in the Upper East Region of Ghana. Ghanaian Journal of Animal Science, 2&3:27-34.

Oka T, Ino Y, Nomura K, Kawashima S, Kuwayama T, Hanada H, Amano T, Takada M, Takahata N, Hayashi Y et al: Analysis of mtDNA sequences shows Japanese native chickens have multiple origins. Animal Genetics 2007, 38:287-293.

Osei-Amponsah R, Kayang BB, Naazie A, Osei YD, Tixier-Boichard M, Rognon X, 2010 Genetic diversity of Forest and Savannah chicken populations of Ghana as estimated by microsatellite markers. Animal Science Journal, 81 (3) 297 -303

Piry S, Alapetite A, Cornuet JM, Paetkau D, Baudouin L, Estoup A, 2004. GENECLASS2: a software for genetic assignment and first-generation migrant detection. Journal of Heredity, 95:536-539.

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

Raymond M, Rousset F, 1995. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. Journal of Heredity, 86:248 - 249.

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

Silva P, Guan X, Ho-Shing O, Jones J, Xu J, Hui D, Notter D, Smith E, 2009. Mitochondrial DNA-based analysis of genetic variation and relatedness among Sri Lankan indigenous chickens and the Ceylon junglefowl (Gallus lafayetti). Animal Genetics, 40:1-9.

Tadelle D, Kijora C, Peters KJ, 2003. Indigenous chicken ecotypes in Ethiopia: growth and feed utilization potentials. International Journal of Poultry Science, 2:144-152.

Weir BS, Cockerham CC, 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. Evolution, 38:1358 - 1370.

Wimmers K, Ponsuksili S, Hardge T, Valle-Zarate A, Mathur PK, Horst P, 2000. Genetic distinctness of African, Asian and South American local chickens. Animal Genetics, 31:159-165.

Wolstenholme DR, 1992. Animal mitochondrial DNA: structure and evolution. International Review of Cytology, 141:173-216.

Yeh FC, Boyle TJB, 1997. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. Belgian Journal of Botany, 129:157.

PROLIFICACY AND ITS RELATIONSHIP WITH BODY MEASUREMENTS IN CAMEROON NATIVE GOATS

Kouam S J[1], Meutchieye F[1], Kenfack W P[1] and Manjeli Y[2].
[1]Department of Animal Science, FASA-University of Dschang
[2]Biosciences in eastern and Central Africa ILRI Hub, Kenya

Abstract

The study was carried out between October 2013 and June 2014 in two agro-ecological zones of Cameroon, the Western Highlands and Bimodal Rainforest. The aim of the research was to contribute to a better knowledge of reproduction parameters of Cameroon native goats specifically, to evaluate prolificacy and secondly to correlate this to some phenotypic traits with further interest as rapid on-farm prediction of a potential prolific does. To evaluate the prolificacy, a field survey was carried on 446 Cameroon native does which have given birth at least once. The association between prolificacy of 275 does from the abovementioned 446 and some body traits such as height at withers (HW), body length (BL) and chest girth (CG) was performed using correlation technique follow by a one way ANOVA. The results have shown that, 13.00 % of birth types are singleton, 63.00 % twin, 22.43 % triplet, 1.35 % quadruplet and 0.22 % sextuplet. HW, BL and CG were significantly ($p < 0.01$) correlated to the litter size. This have been confirmed by ANOVA ($P < 0.05$) follow by a Duncan test which also show that CG explain better the variability in litter size. It is suggest that such phenotypic traits could be used in a selection index. The investigation of candidate genes for prolificacy is envisaged for the next future.

Key words: Reproduction, native goat, litter size, phenotypes, Cameroon

PROLIFICITÉ ET SA RELATION AVEC LES MENSURATIONS DU CORPS DES CHÈVRES LOCALES DU CAMEROUN

Résumé

L'étude a été réalisée entre octobre 2013 et juin 2014, dans deux zones agro-écologiques du Cameroun, à savoir les hautes terres de l'ouest et la forêt équatoriale bimodale. L'objectif de l'étude était de contribuer à une meilleure connaissance des paramètres de reproduction des chèvres indigènes du Cameroun, et plus particulièrement évaluer la prolificité et établir une corrélation entre celle-ci et certains traits phénotypiques avec un d'intérêt subséquent pour la prévision rapide à la ferme du potentiel de prolificité des chèvres. Pour évaluer la prolificité, une enquête de terrain a été réalisée sur 446 chèvres indigènes du Cameroun qui avaient mis bas au moins une fois. L'association entre la prolificité de 275 chèvres des 446 susmentionnées et quelques traits du corps tels que la hauteur au garrot (HW), la longueur du corps (BL) et le tour de poitrine (CG) a été établie en utilisant la technique de corrélation suivie par une ANOVA unidirectionnelle. Les résultats ont montré les types de mise-bas suivants : chevreau unique 13,00%, jumeaux 63.00%, triplets 22,43%, quadruplets 1,35% et sextuplés 0,22%. Les HW, BL et CG étaient significativement ($p < 0,01$) corrélés à la taille de la portée. Ceci a été confirmé par l'analyse de variance ANOVA ($P < 0,05$) suivie par un test de Duncan qui a également montré que le CG explique mieux la variabilité de la taille de la portée. Il a été suggéré d'utiliser ces caractères phénotypiques dans un index de sélection. L'étude de gènes candidats pour la prolificité est envisagée dans un avenir proche.

Mots-clés: reproduction, chèvre indigène, taille de la portée, phénotypes, Cameroun

Corresponding author email: ksjaures2005@yahoo.fr

Introduction:

All authors seem to agree with the fact that proteins gaps from animal origin remain critical in most developing countries. From the decade 2003 to 2012, Africa held after Asia, the second goat's herd in the world, approximately estimated in 2012 by the FAO (2013) around 344.5 million of heads. The same year, the FAO estimation for the Cameroonian herd was 4.6 million but this data is still far from the compared to potentials. In Cameroon, the demand of goat meat is always growing (Tchouamo et al, 2005). Goat husbandry is almost found in all communities, where it plays important economical and socio-cultural functions. For farmers, goats are is a source of food (meat or milk) and money through selling of adults or kids or the hiring out of bucks. Indeed, goats are compared to other domestic species, are more adapted to the most constraining production systems (Dubeuf and Boyazoglu, 2009) probably due to their rusticity and the diversity of their diet. According to Alexandre et al, (2012), goat husbandry productivity is widely influenced by reproduction performances and the survival of kids. Even in commercial farming, the benefit is mainly dependent upon the litter size (Akingbade, et al, 2004; Zhang et al, 2012 ; Palai et al, 2013). It is known that reproduction is a low heritable trait but many studies have been carried to find if this character is under control of some major genetic factors. Nevertheless, genetic mechanism of caprine prolificacy is not yet explored to the fullest (Palai *et al.,* 2013). In the western Highlands of Cameroon, litter sizes of 3 to 4 kids per parity, are somehow frequent. Such particularities have been suggested by many authors to be under the control of some genes either in sheep (Hanrahan et al, 2004 ; Davis, 2005 ; Öztabak et al, 2011) or in other goat breeds (Chu et al, 2007 ; Ran et al, 2009 ; Zhang et al, 2011 ; Abdel-Rahman et al, 2013). However, our recent work (Kouam, 2015 and Wouobeng, 2015) on three of these genes have not been entirely conclusive. Recently, Haldar et al, (2014) have reported in their work, a strong relationship between some body linear traits for discriminating the Black Bengal goats bearing multiple fetuses from those bearing a single fetus. The interest of the present study is to find out if it could be any relationship between body measurements and the litter size in goats. However, knowledge on this subject, are scare in the literature. This information might be used as rapid criteria to select replacement offspring on a sister-based selection. The general objective of the study was to contribute to a better knowledge of reproduction parameters of Cameroon native goats, precisely, to evaluate prolificacy connections to body measurements. The findings could be used as a quick criteria to select potential prolific females of Cameroon native goat, thus enable stout breeding schemes.

Materials and Methods:

Study area

The study was carried in the western highlands and the bimodal rainforest agro-ecological zones of Cameroon (figure 1). Their respective geographical coordinates are latitude 5°-8° N, longitude 9°45'-11°15' E and latitude 2°-4° N, longitude 10°5'-16°2'E (ASEB, 2010).

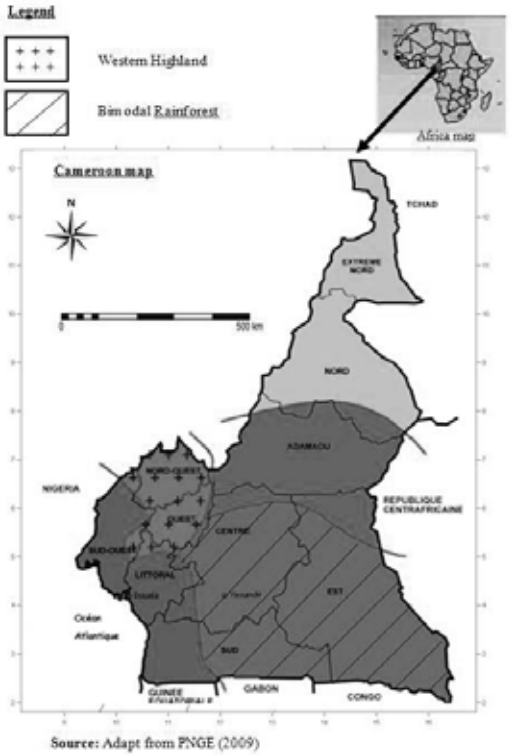
Sampling frame:

A total number of 446 native goats, which have given birth at least one, obtained by collecting information about the litter size of females. They were all reproductive females owned by 93 breeders in the western Highlands and from 50 breeders in the bimodal rainforest agro-ecological zones of Cameroon. The highest litter size based on the present and the past reproductive life of each female was recorded on a single sheet survey.

Data collection:

Prolificacy have been evaluated as Manjeli et al. (1994) using the prevalence or the frequency of each type of birth found among the 446 native goats. Thus, the frequency of each type in a given herd is compute as:

Frequency of a type of birth=



Source: Adapt from PNGE (2009)

Figure1: Study area

(Number of females of a given type of birth)/(Total number of females) x 100

Then, from the abovementioned 275 handled does, body traits such as height at withers (HW), body length (BL) and chest girth (CG) were collected as described by the USDA (2013) protocol. These measurements are illustrated on figure 2. For this purposes, a tailor tape meter was used to measure BL and CG, while a height gauge made up of a rectilinear tick and tape meter being used for HW.

To assess the association between HW, BL and CG with the level of prolificacy, four groups of animal, corresponding to the maximum or the highest litter size (LS) per parity per doe of 1, 2, 3 and 4 kids and above have been constituted.

Statistical analysis

Descriptive statistics have been used for prolificacy data. To know if it could have an association between prolificacy level and body measures of Cameroon native goat, correlation method and a one way ANOVA with the statistical tool SPSS 21.0 have been used. The model was as follows:

$y_ij = \mu + \alpha_i + e_{ij}$

where, μ: Population means
α_i: Body measurements effect
e_{ij}: Residual error

When there was significant difference, the Duncan test was considered to separate the means.

Results:

Prolificacy of native goats:

The native goats of the western Highlands and the bimodal Rainforest agro-ecological zones (table1) have in majority multiple births (87%). The triplet type is even greater than singleton. The picture of females having some of these birth types is illustrated (figure 3).

Association between BL, HW and CG with the prolificacy of the native goat:

The correlation test is presented is significant (table 2). The relationship is significant ($P < 0.05$) between the HW and the LS, the BL and the LS and finally between the CG and the LS. Means comparison of BL, HW and CG with respect of the litter size group are quite informative (table 3). Does having

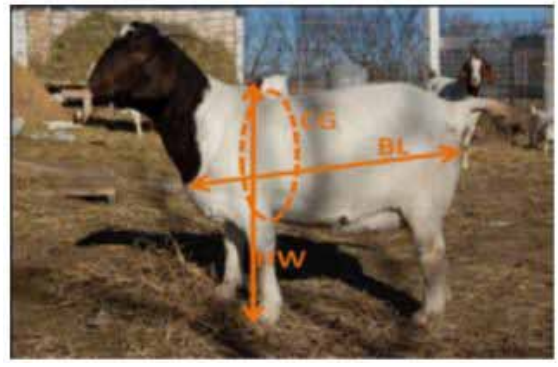


Figure 2: Height at withers (HW), body length (BL) and chest girth (CG) measurements.



Figure 3: Some birth types found in Cameroon native goats.

Table I: Number and frequency of type of births of Cameroon native goats in the Western Highland and Bimodal Rainforest agro-ecological zones

Agro-ecological zones	**Regions**	**Type of births**					**Total**
		Singleton	*Twin*	*Triplet*	*Quadruplet*	*sextuplet*	
Western Highlands	*West*	27 (13.24)	105 (51.47)	67 (32.84)	4 (1.96)	1 (0.49)	204 (100)
	North-West	28 (22.22)	87 (69.05)	11 (8.73)	0 (0.00)	0 (0.00)	126 (100)
Bimodal Rainforest	*Total I*	55 (16.67)	192 (58.18)	78 (23.64)	4 (1.21)	1 (0.30)	330 (100)
	Centre	2 (3.33)	49 (81.67)	8 (13.33)	1 (1.67)	0 (0.00)	60 (100)
	East	1 (2.70)	24 (64.86)	12 (32.43)	0 (0.00)	0 (0.00)	37 (100)
	South	0 (0.00)	16 (84.21)	2 (10.53)	1 (5.26)	0 (0.00)	19 (100)
	Total II	3 (2.59)	89 (76.72)	22 (18.97)	2 (1.72)	0 (0.00)	116 (100)
	Total I+II	58 (13.00)	281 (63.00)	100 (22.43)	6 (1.35)	1 (0.22)	446 (100)

() = frequency in percent

Table 2: Correlation test between height at withers Body length Chest girth with litter size.

Variables		Litter size
Litter size	Correlation coefficient	1
	Signification (2-tailed)	
	Number of reads	275
Height at withers	Correlation coefficient	0. 246**
	Signification (2-tailed)	0.000
	Number of reads	275
Body length	Correlation coefficient	0.331**
	Signification (2-tailed)	0.000
	Number of reads	275
Chest girth	Correlation coefficient	0.390**
	Signification (2-tailed)	0.000
	Number of reads	275

***. Correlation is significant at the 0.01(2-tailed)*

Table 3: Means separation using Duncan test

Litter size	Number of does	Height at Withers (cm)	Body length (cm)	Chest girth (cm)
1	19	47.447[a]	57.568[a]	63.579[a]
2	168	49.827[ab]	58.295[a]	67.673[b]
3	81	51.39[b]	62.543[b]	71.969[c]
4	7	51.543[b]	65.186[b]	74.143[c]

[a, b, c]: the values with the same superscript in the column implies non significant variation (P < 0.05)

a CG greater than 71 cm shows an increase chance to give birth to triplet and more.

Discussion:

The high rates of multiple births in these zones can only be explained by the natural selection on one hand and by the empirical selection applied by farmers on the other hand. Super does has an economical value for the breeder, but this should remain in a reasonable extend. Meaning that, to be efficient, kids from large litter should be viable with a good survival rate and conditions. The type of births obtained apart from the sextuplet, were similar to those of Manjeli et al, (1994) in the western region of Cameroon and Tchoumboué et al, (1997) in Tchouamo et al, (2005), in Adamaoua Region of Cameroon. On the other hand, this result is higher than the type of births of singleton, twin and triplet, mentioned by Tchouamo et al, (2005) for the West African Darf (WAD) goat and by Wang et al, (2011) for the Taihang Black breed in China. Irrespective of the agro-ecological zones, the percentage of multiple births is 87%. This result is comparable to the 88% reported in the western region of Cameroon by Manjeli et al, (1994). Smaller values have been reported: 44% in Bafou in the western region of Cameroon (Tchouamo et al, 2005); 71% in the Adamaoua region of Cameroon (Tchoumboué et al, 1997); 68 % by Otchere and Nimo (1976) for the WAD in Ghana and, 63 % for the WAD in the Tropical zone in Nigeria (Odubote, 1996). However, these figures are inferior than the multiple birth rate of 93 % reported by Wang et al, (2011) in the Taihang Black where quadruplet seem to be absent. The results have shown that the HW, BL and CG increase with the increasing of the LS and might be the reason why they are associated with the prolificacy.

The unequal number of animal per group may explain this result. However more prolific does have the higher body measurements. The relationship between body lengths, height at withers, rump height, distance between tuber coxial bones and distance between tuber ischii bones with the number of fetus bearing by Black Bengal goats have been report by Haldar et al, (2014). Their findings are similar to ours except that they did not mention the CG. In Cameroon native goats, the CG is probably, the best characteristic related with the maximum number of kids per parity and per doe because it is the one, which has separated them into three categories. It is suggested as a good candidate trait, which could be used by in selection index by geneticists or by farmer directly on farm.

Conclusion:

The native goats of the Western Highlands and the Bimodal Rainforest agro-ecological zones are highly prolific irrespective of the parity number. This study revealed the positive and significant correlation between height at withers, body length and chest girth with the prolificacy of the Cameroon native goats. Further studies, including the association between other measurements and/ or qualitative trait like coat color pattern with the litter size phenotypes, are recommended.

Acknowledgements:

We are highly grateful to the University of Dschang, which hosted the Goat Project and has been instrumental for this work. We acknowledge Biosciences eastern and central Africa (BecA) at International Livestock of research institute (ILRI) in Kenya for the technical support and Swedish Government (SIDA) for financial provision through the Goat Project. We express our thanks to MINEPIA, goat farmers for the fruitful collaboration.

References:

Abdel-Rahman SM, Mustafa YA, Abd Errasool HA, El-Hanafy AA, Elmaghraby A M, 2013. Polymorphism in BMP-15 gene and its association with litter size in Anglo-Nubian goat. Biotechnology in Animal Husbandry, 29 (4), 675-683 pp.

Akingbade A, Nsahlai I, Morris C, 2004. Reproductive performance, colostrum and milk constituents of mimosine-adapted South African Nguni goats on Leucaena leucocephala-grass or natural pastures. Small Ruminant Research, 52 (3) 253-260 pp.

Alexandre G Arquet R, Fleury J, Troupé W, Boval M, Archimède H, Mahieu M, Mandonnet N, 2012. Systèmes d'élevage caprins en zone tropicale : analyse des fonctions et des performances. INRA, Prod Anim, 25, (3) 305-316 pp.

ASEB, 2010. Rapport de l'analyse situationnelle et estimation des besoins dans le domaine de sante et environnement au Cameroun. MINEP, MINSANTE, OMS, P 183.

Chu MX Jiao CL, He YQ, Wang JY, Liu ZH, Chen GH, 2007. Association between PCR-SSCP of Bone Morphogenetic Protein 15 gene and prolificacy in Jining Grey goats. Anim Biotechno, (18) 263-274 pp.

Davis GH, 2005. Major genes affecting ovulation rate in sheep. Genet. Sel. Evol., 2005, 37, (1) 11-23 pp.

Dubeuf JP, Boyazoglu J, 2009. An international panorama of goat selection and breeds. Livestock Science, (120) 225-231 pp.

FAO, 2013. http://faostat3.fao.org:80/wds/css,visited 06-10-2014.

Hanrahan PJ, Gregan SM, Mulsant P, Mullen M, Davis GH, Powell R, Galloway SM, 2004. Mutations in the genes for oocyte-derived growth factors GDF9 and BMP15 are associated with both increased ovulation rate and sterility in cam-bridge and belclare sheep (*Ovis aries*). Biol Reprod, (70). 900-909 pp.

Haldar A, Pal P, Datta M, Paul R, Pal SK, Majumdar D, Biswas CK, Pan S, 2014. Prolificacy and Its Relationship with Age, Body Weight, Parity, Previous Litter Size and Body Linear Type Traits in Meat-type Goats. Asian Australas J Anim Sci, (27) 628-634pp.

Kouam SJ, 2015. Polymorphisme des gènes de prolificité (BMP15, GDF9 et BMPR1B) chez la chèvre locale des Hauts Plateaux de l'Ouest et de la zone forestière à pluviométrie bimodale du

Cameroun. Thèse, FASA-Université de Dschang, Cameroun, 100 p.

Manjeli Y, Téguia A, Njwe RM, Tchoumboué J, Ayong EE., 1994. Enquête sur l'élevage caprin dans les hauts plateaux de l'ouest Cameroun. Small Ruminant Research Network Workshop, Yaoundé, Cameroun. 99-103 pp. http://www.fao.org/wairdocs/ilri/x5473b/x5473b0t.htm

USDA, 2013. USDA_AdaptMap Goat Sample Protocol- updated March 2013. P 8

Ran X-Q, Lin J–B, Du Z-Y, Qing C, Wang J–F, 2009. Diversity of BMP15 and GDF9 genes in White goat in Guizhou Province and evolution of the encoded proteins. Zoological Research, 30 (6) 593-602 pp.

Odubote IK, 1996. Genetic parameters for litter size at birth and kidding interval in the West African Dwarf goats. Small Ruminant Research, 20, 261-265 pp.

Otchere EO, Nimo MC, 1976. Reproductive performance in the West African Dwarf goat. Ghana Jnl Agric Sci, 9, 57-58 pp.

Öztabak K, Gürsel EF, Akiş I, Durak H, Mengi A, 2011. Determination of BMP-15, BMPR-1B and GDF-9 Gene Mutations of the Indigenous Sheep Breeds in Turkey. Kafkas Univ Vet Fak Derg, 17 (5). 725-729 pp.

Palai TK, Bisoi PC, Maity A, Behera PC, Sahoo G, Polley S, De S, 2013. Prolificacy in Raighar goats is independent of FecB gene. Vet World, 6 (8) 479-481 pp.

Palai TK, Maity A, Bisoi PC, Polley S, Mukharjee A, De S, 2012. Screening of BMP15 (FecX) fecundity gene in prolific raighar goats of odisha. J Cell tissue research, 12 (3) 3285-3589 pp.

PNGE, 2009. Révision/Opérationnalisation du Plan National de la Gestion de l'Environnement (PNGE) vers un Programme Environnement (PE). Diagnostic de la situation de l'environnement au Cameroun, 2009, 1. P 109.

Tchouamo I R, Tchoumboué J, Thibault L, 2005. Caractéristiques socio-économiques et techniques de l'élevage de petits ruminants dans la province de l'ouest du Cameroun. Tropicultura, 23 (4) 201-211 pp.

Tchoumboué J, 1997. Elevage des caprins en zone soudano-guinéenne d'altitude de Cameroun, Visite d'étude sur les systèmes d'élevage dans les zones humides et subhumides d'Afrique. CTA, Wageningen, 148-153 pp.

Wang Y, Yuanxiao L, Nana Z, Zhanbin W, Junyan B, 2011 : Polymorphism of Exon 2 of BMP15 Gene and Its Relationship with Litter Size of Two Chinese Goats. Asian-Aust J Anim Sci, 24 (7) 905-911 pp.

Wouobeng KPL, 2015. Polymorphism of Prolificacy Genes (BMPR1B and GDF9) in the Native Goat of Western Highlands and Bimodal Rainfall Forest Zone of Cameroon. Thèse, FASA-University of Dschang, Cameroon, p 98

Zhang CY, Wu CJ, Zeng WB, Huang KK, Li X, Feng JH, Wang D, Hua G H, Xu DQ, Wen QY, Yang LG, 2011. Polymorphism in exon 3 of follicle stimulating hormone beta (FSHB) subunit gene and its association with litter traits and superovulation in the goat. Small Ruminant Research, 96 53–57 pp.

Zhang X-M, Wang J-Y, Lan Z-R, 2012. Advances in molecular breeding research of goat fecundity. Journal of Animal and Veterinary Advances, 11 (4) 449-453 pp.

LA PROLIFICITE DE LA CHEVRE COMMUNE LOCALE (*Capra hircus*) TERRITOIRE DE MBANZA NGUNGU EN R.D.CONGO

Mundondo E[1], Bakana B M[2] et Nyongombe U[3]
[1]Centre de recherche de l'INERA Mvuazi B.P. 2037 Kin/Gombe RD Congo
[2]Faculté de médecine vétérinaire Université Pédagogique Nationale de Kinshasa
[3]Faculté d'agronomie Université Pédagogique Nationale de Kinshasa RD Congo

Resume

Connaissant qu'il ya une relation entre les paramètres de reproduction, l'état nutritif et pathologique, les conditions de gestion et d'exploitation et se référant de la diversité interspécifique de la prolificité et la mauvaise pratique de la sélection animale qui a contribué à l'absorption des races locales, les auteurs ont mené des investigations sur la chèvre commune locale du territoire de Mbanza Ngungu en vue de sa caractérisation. Huit groupements ont été choisis au hasard et ont constitué l'espace principal des investigations à savoir : les groupements de Gombe Sud, de Kinsende, de Kolo Vata, de Luvaka, de Makuta, de Mongo, de Nkiende et celui de Nkolo. Ces groupements se répartissent dans 4 secteurs du territoire. Il ressort des résultats obtenus qu'en dépit des conditions d'élevage difficiles et de sa variabilité, cette chèvre est prolifique (indice de prolificité équivalent à 1,6). 55,4 % des mises bas sont simples, 40,8% sont doubles et 3,7% sont triples.

Mots clés : chèvre, prolificité, caractérisation, R.D.Congo

Summary

Knowing that there is relationship between reproductive parameters, nutritive state and pathological context, the management and exploration condition and in reference to the wide interspecific diversity of the prolificity bad pratice selection has contributed to the absorption of local breeds, the authors conducted investigations on the local common goat territory of Mbanza Ngungu for its characterization. Eight groups are established Gombe Sud, Kinsende, Kolo Vata, Luvaka, Makuta, Mongo, Nkiende and Nkolo. These groups are divided into 4 sectors of the territory, the results obtained in spite of growing conditions difficiles and its variability, this goat is prolific (equivalent prolificness index 1.6) 55,4 % are easy calving, 40,8% and 3,7% are dual are threefold.

Introduction

La chèvre locale ou commune élevée habituellement en divagation dans nos villages n'est pas encore bien connue. Elle est parfois jugée à tort par rapport à ces homologues des autres races suite aux conditions parfois précaires auxquelles elle est soumise. Sa santé, sa reproduction, son alimentation, bref tout ce qui concourt à une bonne croissance ne lui sont pas offert d'où l'incapacité de l'animal d'exprimer normalement son potentiel génétique.

Il est aussi reconnu que le potentiel de la race locale chez les chèvres africaines n'est pas suffisamment exploité d'où la faible productivité de cet élevage (Anonyme, 2002). En général les chèvres locales sont très bien adaptées à leur écologie ce qui est un atout par rapport à l'importation de chèvres d'autres pays.

Les conditions alimentaires, sanitaires et d'hébergement sont précaires dans les élevages de nos milieux traditionnels mais cela n'exclut pas d'amorcer un plan d'amélioration génétique de nos chèvres locales. Aucune sélection de la chèvre locale n'est pas encore été mise en œuvre en République Démocratique du Congo or celle-ci constitue la première étape à engager et si pas la plus longue pour son amélioration (Anonyme, 2002).

Plusieurs études montrent que la production de la chèvre s'accroît quand on oriente sa sélection pour obtenir un maximum de jumeaux, des triplés ou des quadruplés (Charray *et al.,*1980). Les indices relevés sur la chèvre locale rurale indiquent que le poids de la carcasse est deux fois supérieur dans les conditions de station expérimentale et avec une bonne supplémentation en fin de gestation, on obtient 90 p.100 de chevrotages doubles en seconde mise-bas en station contre une moyenne de 45 p.100 en milieu rural avec les mêmes animaux (Wilson, 1991).

La population du territoire de Mbanza –Ngungu préfère particulièrement la viande de la chèvre. Ceci se vérifie par l'importance des restaurants à ciel ouvert qui sont parsemés dans les différents marchés et les principaux axes routiers dont les grillades à base de la viande de chèvre en constituent la principale spécialité.

La production de la viande caprine dans le territoire est de loin inférieure à la demande et son amélioration devra nécessairement passer par l'organisation du système d'élevage. Sachant que toute exploitation en général est étroitement liée à l'amélioration génétique grâce à la reproduction d'où il n'est pas possible de faire l'élevage sans la reproduction et s'il y a reproduction, il est nécessaire d'organiser l'amélioration génétique car à chaque changement de génération (reproduction), il y a des modifications génétiques d'où l'importance de diriger l'évolution des populations que de les laisser au hasard (INRAP, 1986). Nous pouvons noter aussi qu'actuellement les concepts même d'amélioration génétique ont évolué et que les actions de sélection ou de croisement tendent à se faire non plus en station dans un milieu protégé, mais au sein même des élevages traditionnels (Minvielle, 1990).

Le manque d'informations fiables sur la chèvre locale constitue un véritable handicap pour tout travail de sélection et d'amélioration.

De tout ce qui précède, une question nous vient à l'esprit celle de savoir si la chèvre commune locale de là où je vis ne présente t-elle pas les mêmes qualités qui sont reconnues aux autres caprins ou mieux n'a pas quelconque qualité spécifique méconnue ?

La recherche de la réponse à cette grande interrogation constitue le déclic des investigations sur la prolificité de la chèvre commune locale du territoire de Mbanza Ngungu.

L'étude peut avoir son importance ou contribuer globalement dans la lutte contre l'insécurité alimentaire dans le pays voire dans la gestion des ressources zoo génétiques comme le souligne la FAO dans sa problématique de l'importation d'animaux exotiques face à la stratégie mondiale pour la gestion des ressources génétiques des animaux d'élevage. Elle reconnaît en outre que la conservation de l'agro biodiversité est une méthode peu coûteuse pour la sécurité alimentaire. Cette approche est particulièrement appropriée

pour garantir une plus forte assurance de ressources alimentaires dans les pays en voie de développement. Elle offre aux agriculteurs la possibilité de sélectionner et de développer des races de bétail adaptées à l'ensemble des conditions ambiantes. Dans des contrées où les agriculteurs ont été encouragés par des promesses de forte production et se sont fiés de plus en plus aux races exotiques ou importées qui sont en train de remplacer les races indigènes. Ces races exotiques, trop souvent, cependant, le rendement et la durabilité sont affaiblis parce que les animaux tolèrent mal les contraintes du climat, des maladies et de nutrition dans le pays d'accueil. La possibilité d'arriver à une sécurité alimentaire durable se trouve menacée par la perte des races indigènes.

Materiel et Methodes

Milieu

Nos investigations ont été menées dans le territoire de Mbanza-Ngungu

Situé dans le district des Cataractes et dans la province du Bas-Congo. Cette dernière se situe entre 4 et 6° de latitude Sud et 12 et 16° de longitude Est. Elle a une superficie de 53.920 Km², soit 2,3 p.100 de la superficie de la République Démocratique du Congo. Elle est frontalière avec la République Populaire du Congo au Nord, l'Angola au Sud, la province du Bandundu à l'Est et l'enclave angolaise du Cabinda à l'Ouest.

Le climat est du type tropical soudanais avec quatre mois de saison sèche (Aw4) et une longue saison de pluies interrompue par une petite saison sèche en février.

La végétation est de type savanicole entrecoupée par des lambeaux de forêt. Elle est propice aux différentes activités agricoles entre autre la culture arbustive en forêt (cultures industrielles et vivrières), la culture intensive mécanisée ou non dans la savane et les vallées et l'élevage extensif et intensif des bovins respectivement dans la savane à Hyparrheinia dense ou peu dense (Anonyme, 1997).

Les sols sablo argileux avec tâches argilo sablonneuses sont fragiles et faiblement fertiles (Anonyme, 1997).

Sur le plan administratif, le territoire de Mbanza-Ngungu est composé de six secteurs respectivement les secteurs de Boko, Kwilu-Ngongo, Kivulu, Gombe-Matadi, Gombe-Sud et Ntimasi (fig1).



Figure 1 : Découpage en collectivités et territoires de la province du Bas-Congo

Matériel

Pour mener à bien nos investigations, nous avons eu à utiliser les chèvres reproductrices des paysans éleveurs retenus de tous les villages de l'étendue de notre zone d'enquête comme matériel animal.

Une balance de type Pocket ayant une portée de 200kg, des sacs en gîte et les cordes ont servi pour la pesée des animaux.

Les différentes mensurations ont été obtenues à l'aide d'un ruban zoométrique gradué de 2m de longueur et d'une potence.

Les fiches pour la transcription des résultats, les rapports, les carnets et les stylos à bille ont constitué l'essentiel du matériel employé pour la collecte des données.

Méthodes

Huit groupements du territoire de Mbanza-Ngungu ont été choisis au hasard et ont constitué l'espace principal de nos investigations à savoir : les groupements de Gombe Sud, de Kinsende, de Kolo Vata, de Luvaka, de Makuta, de Mongo, de Nkiende et celui de Nkolo. Ces groupements se répartissent dans 4 secteurs du territoire (Fig.1). Dans chaque groupement 4 villages ont été enquêtés sur les paramètres physiques (âge, hauteur au garrot, périmètre thoracique, longueur scapulo-ischiale, largeur à la hanche et le poids) et les paramètres physiologiques particulièrement la reproduction (mises-bas). Dans chaque village un certain nombre d'éleveurs ayant au moins cinq chèvres a été retenu.

Interview

Dans chaque village cinq éleveurs possédant au moins cinq chèvres ont été pris et soumis à un questionnaire en vue de décrire son élevage en général et de reconstituer les différentes mises-bas des femelles reproductrices de son troupeau en particulier. L'ensemble de questions constituant l'essentiel de l'entretien sont regroupées en un questionnaire.

Collecte des paramètres physiques

Cette étape était consacrée aux manipulations sur les animaux en vue de prélever les données sur l'âge, la hauteur au garrot, le périmètre thoracique, la longueur scapulo-ischiale, la largeur de la hanche et le poids de l'animal.

L'âge s'obtenait par l'examen des dents, le poids à l'aide de la balance suspendue supportée par deux aides et l'opérateur procédait à la lecture tandis que la hauteur au garrot, le périmètre thoracique, la longueur scapulo-ischiale et la largeur de la hanche étaient respectivement prélevées à l'aide de la potence et du ruban zoométrique après l'immobilisation et la contention de l'animal.

Statistique

Les données ainsi collectées ont été soumises aux analyses statistiques à l'aide des logiciels statitix 8 et excel en vue de l'analyse de la variance pour les paramètres physiques et physiologiques et de déterminer les différentes corrélations entre les numéros de mises bas et la prolificité (mises bas simples, doubles et triples).

Presentation et Interpretation des Resultats

Les résultats sont présentés successivement d'après les paramètres physiques (âge, périmètre thoracique, hauteur au garrot, longueur scapulo-ischiale, largeur de la hanche et le poids) et les paramètres physiologiques (mises-bas simples, doubles et triples) dans les groupements du territoire.

La hauteur au garrot et la longueur scapulo-ischiale s'étant révélées significativement différentes entre les groupements démontre la variabilité de cette chèvre.

La chèvre commune de Nkolo a une excellente prolificité, celle de Mongo et de Nkiende sa prolificité est bonne tandis que celle de Kolo Vata, Makuta, Kisende , Luvaka et Gombe Sud est médiocre.

Discussion des Resultats

Nous avons relevé dans l'espace géographique de Mbanza Ngungu où se sont effectuées nos investigations que la reproduction des caprins en particulier et des petits ruminants en général était souvent anarchique car l'éleveur n'effectuait aucun contrôle de ses animaux. D'où la mise en reproduction avant même que les animaux n'atteignent la maturité complète (Faugère et Faugère 1986 ; Jurg et Kessler 2004).

Comme tout élevage traditionnel, les résultats ne sont pas très différents des animaux abandonnés à eux- mêmes pour leur alimentation ; ce qui entraîne l'existence permanente d'un déséquilibre alimentaire. On y rencontre aussi des taux élevés de consanguinité et de mortalité ainsi qu'une mauvaise connaissance des performances des animaux exploités. L'illustration de ce manque de connaissance est que plusieurs auteurs s'accordent à reconnaître qu'il était hasardeux de parler de races de chèvres dans l'élevage traditionnel car il n'a fait l'objet d'aucune sélection et qu'il était réaliste de parler plutôt de type dominant de celles-ci (Banze, 1989).

Dans l'optique de la recherche de connaissance des performances que cette étude a été menée sur la reproduction bien qu'il est reconnu que son coefficient d'héritabilité (h^2) est faible (moins de 0,25) comparativement à celui des caractères de productivité tels que la quantité de lait par lactation ou le gain moyen quotidien qui est moyen (0,25-0,40) et celui plus fort supérieur à 0,40-0,45 des caractères tels que les taux butyreux ou protéique du lait et certains caractères liés à la structure anatomique tels le rendement commercial des carcasses des bovins et porcins, l'épaisseur de lard dorsal ou la longueur de la carcasse des porcins (Perez *et al.,* 1986).

Le principal indice de la reproduction est la fertilité qui s'exprime en général par l'aptitude d'un animal à produire soit des ovules fécondables ou soit du sperme fécondant. La fertilité ou natalité est un indice non seulement économique du troupeau mais un indice de sélection. Elle s'exprime en général par le taux de fertilité qui est le rapport entre le nombre des nouveau-nés et le nombre des femelles mises à la monte (Bakana, 1990).

Tenant compte du principe selon lequel l'unité de travail est la population et non l'individu dans la reproduction en particulier et la sélection animale en général (Derivaux, 1971 ; Mundondo et Kashala, 2008) ; les résultats de nos investigations dans les huit groupements en particulier et du territoire de Mbanza Ngungu s'orientent à cette approche.

Tableau 1 : Paramètres physiques de la chèvre commune locale Du territoire de Mbanza Ngungu

Groupements	Age (mois)	Hauteur au garrot (cm)	Périmètre thoracique (cm)	Longueur scapulo –ischiale (cm)	Largeur à la hanche (cm)	Poids (kg)
Gombe Sud	32,3	47,4	61,1	52,2	12,7	19,4
Kinsende	32,4	48,3	64,9	54,3	11,4	21,3
Kolo Vata	31,7	47,0	63,6	54,4	12,7	21,6
Luvaka	29,7	47,1	63,6	51,5	10,8	19,5
Makuta	38,0	47,5	64,9	53,2	11,7	24,0
Mongo	31,8	46,4	62,8	55,6	12,5	21,2
Nkiende	37,8	48,1	66,6	53,7	11,7	22,4
Nkolo	30,2	52,2	68,5	59,5	11,0	21,0
Moyenne	32,9	48,0	64,5	54,3	11,8	21,3
C.V.	-	4,73	4,74	4,69	6,31	9,87

Tableau 2 : chronologie des mises bas chez la chèvre commune De Mbanza Ngungu

	Mises bas simples						Mises bas doubles						Mises bas triples					
	1	2	3	4	5	6	1	2	3	4	5	6	1	2	3	4	5	6
Groupement																		
Gombe Sud	39	19	7	3	2	1	11	12	8	3	2	2	0	0	0	1	1	0
Kinsende	20	10	3	2	1	1	4	6	4	2	2	0	0	0	0	0	0	0
Kolo Tava	40	10	3	1	1	0	9	17	8	2	1	0	1	1	1	1	0	0
Luvaka	23	11	4	2	1	2	2	3	2	1	1	0	1	0	0	0	0	0
Makuta	61	25	8	2	2	0	12	17	9	4	2	1	0	0	1	1	1	0
Mongo	14	7	2	1	1	1	3	3	2	1	2	0	0	0	1	2	1	0
Nkiende	26	13	7	2	0	0	10	12	8	3	2	2	1	1	1	2	3	1
Nkolo	34	16	3	0	0	0	31	45	27	14	5	0	0	0	1	2	2	1
Poourcentagee%	59,5	25,8	8,6	3	1,8	1,1	25,8	36,2	21	9,4	5,3	1,2	10,3	6,8	17,2	31	27,5	6,8

Paramètres physiques

Les paramètres physiques qui ont été mesurés sont : l'âge, la hauteur au garrot, le périmètre thoracique, la longueur scapulo-ischiale, la largeur de la hanche et le poids.

D'après les résultats de la période de notre investigation ; l'âge moyen de la chèvre reproductrice du territoire de Mbanza Ngungu était de 32,9 mois soit approximativement un peu plus de deux ans et demi.Aucune différence significative n'a été observée au sein de celles-ci dans les différents groupements (tableau 1). Il se dégage en outre que ces femelles sont encore jeunes si l'on considère que l'âge de reforme est six ans (Branckaert, 1983)

Les analyses statistiques nous révèlent qu'il existe une différence significative entre les hauteurs au garrot des chèvres du territoire de Mbanza Ngungu. La chèvre du groupement de Nkolo présente la hauteur au garrot la plus élevée (52,2 cm) tandis que celle de Kolo Vata a la plus petite hauteur au garrot (47 cm). La hauteur moyenne au garrot étant de 48cm pour la chèvre du territoire (tableau 1). La chèvre commune du groupement de Nkolo est plus haute que ses homologues des autres groupements ; ceci pourrait éventuellement s'expliquer par l'introduction au centre de recherches de Mvuazi (situé dans le groupement de Nkolo) à l'époque des races de chèvres Tonggebourg et Kamori. Est-ce les différents croisements avec les chèvres locales ont-ils conduit à cette variabilité ou tout simplement ces derniers au sein même des chèvres locales ?

Le périmètre thoracique moyen de la chèvre commune locale de Mbanza Ngungu est de 64,5 cm. Les résultats des analyses statistiques n'ayant pas révélé une différence significative entre les chèvres des différents groupements (tableau 1).

La longueur scapulo-ischiale moyenne de la chèvre commune locale du territoire de Mbanza Ngungu est de 54,3 cm. La chèvre la plus longue est celle du groupement de Nkolo (59,5cm) et la petite longueur scapulo-ischiale est représentée par la chèvre du groupement de Luvaka (51,5 cm). Les analyses statistiques ont établi une différence significative entre les

Tableau 3 : Indice de prolificité des chèvres dans le territoire De Mbanza Ngungu

Groupements	Mise bas simples	Mises bas doubles	Mises bas triples	Total	Chevreaux	Indice de prolificité
Gombe Sud	70	38	2	110	152	1,4
Kinsende	37	18	0	55	73	1,3
Kolo Vata	55	37	4	96	141	1,4
Luvaka	43	9	1	53	64	1,2
Makuta	98	45	3	146	197	1,3
Mongo	26	11	4	41	60	1,5
Nkiende	48	37	9	94	149	1,6
Nkolo	53	122	6	181	315	1,7
Total	430	317	29	776	1151	11,4
Pourcentage	55,4	40,8	3,7	100	-	-
C.V.	58,52	69,52	72,99	-	-	-

longueurs scapulo-ischiales des chèvres des groupements (tableau 1).

La largeur moyenne à la hanche de la chèvre commune locale de Mbanza Ngungu est de 11,5 cm ; les résultats des analyses statistiques démontrent qu'il ya une différence significative de largeur à la hanche des chèvres pour les différents groupements en présence. Ainsi, la chèvre des groupements Gombe Sud et Kolo Vata a la largeur à la hanche la plus grande (12,9 cm) alors que celle du groupement de Nkolo a la plus faible largeur la hanche (11cm) (tableau 1)

Le poids moyen de la chèvre commune locale est de 21,3kg les analyses statistiques ne donnant aucune différence significative pondérale entre les chèvres élevées dans les huit groupements en présence (tableau 10, fig.6).

Bref, la chèvre commune locale reproductrice du territoire de Mbanza Ngungu présente les caractéristiques physiques suivantes à trente et deux mois d'âge : 48 cm de hauteur au garrot ; 64,5 cm de tour de poitrine ; 54,3 cm de longueur scapulo-ischiale ; 11,5 cm de largeur de la hanche et 21,3 kg de poids.

Paramètres physiologiques

Les naissances simples des chèvres au sein des groupements varient entre 11,2 à 22,9 % et les analyses statistiques n'ont pas revélé des différences significatives des mises- bas simples entre les groupements. Elles occupent 55,4% de l'ensemble des mises bas du territoire (tableau 3).

Les mises bas doubles sont significativement différentes dans le territoire de Mbanza Ngungu. Ainsi le groupement de Nkolo (38,4%) est celui dont les chèvres donnent beaucoup de naissances gémellaires tandis que les chèvres du groupement Luvaka présentent le pourcentage de gémellité le plus bas de tous les groupements enquêtés (2%). Elles représentent 40.8% des mises bas globales (tableau 3).

Comme les mises bas doubles, les naissances triples sont significativement différentes dans l'étendue du territoire. Les chèvres du groupement Nkiende donnent beaucoup plus de naissances triples (31%) suivies de celles du groupement de Nkolo (20,6%). Aucune naissance triple n'a été enregistrée dans le groupement de Kinsende (tableau 3). Elles représentent 3,7% des naissances.

En regroupant les naissances de la première à la sixième, nous remarquons que les 59,5% des naissances simples s'obtiennent à la première naissance, 25,8% pour la deuxième naissance, 8,6% pour la troisième, 3% pour la quatrième, 1,8% pour la cinquième et 1,1% pour la sixième naissance. La tendance

générale est l'importance décroissante des naissances simples allant de la première à la sixième (tableau 2). Contrairement aux mises-bas simples, ce tableau montre que c'est à la deuxième naissance où les mises bas doubles sont plus importantes (36,2%), et suivent par ordre d'importance la première naissance (25.8%), puis la troisième naissance (21,4%), ensuite la quatrième (9,4%), la cinquième (5,3%) et enfin la sixième (1,2%) (Tableau 2). Les naissances triples se concentrent à la quatrième (31%), cinquième (27,5%) et à la troisième mise bas (17,2%). Dans les premières naissances 10,3% de celles-ci sont triples tandis que dans les deuxièmes 6,8% d'entre elles sont triples de même pour les sixièmes naissances. La tendance est à l'augmentation en fonction de nombre de mises bas (tableau 2).

Les chèvres communes locales du groupement de Nkolo ont l'indice de prolificité le plus élevé (1,7), il est suivi par celles du groupement de Nkiende (1,6), du groupement de Mongo (1,5), des groupements de Kolo Tava et Gombe Sud (1.4), des groupements Makuta et Kinsende et enfin celles du groupement Luvaka qui ont le plus faible indice de prolificité (1,2) (tableau 3).

Les paramètres physiques et physiologiques observés chez la chèvre commune locale du territoire de Mbanza Ngungu la rapprochent de la chèvre rousse de Maradi du Niger (se retrouve aussi au nord-ouest du Nigeria) qui a des traits communs avec la race naine guinéenne du Fouta Djallon et peut être considérée comme une variété fixée. Le poids des mâles adultes se situe entre 25 et 30 kg, celui de la femelle entre 23 et 28 kg.

Chez la chèvre rousse de Maradi, les naissances gémellaires et bisannuelles sont fréquentes et se poursuivent pour une bonne femelle pendant cinq à six ans. La fréquence de mises-bas doubles, triples ou quadruples augmentent à partir de la première mise-bas (généralement unique) et se poursuivent jusqu'en fin de carrière. Ce caractère tient absolument à la pureté de la race. Les portées uniques constituent 60 % de toutes les parturitions, les doubles 36 % et les triples 4% (Marichatou *et al.,* 2002).

En comparant la chèvre rousse de Maradi et la chèvre commune locale de Mbanza Ngungu les portées uniques chez cette dernière représentent 55,4%, les doubles 40,8% et les triples 3,8%.

D'après les normes, la prolificité des chèvres locales du groupement de Nkolo est dite excellente, celle des groupements Nkiende et Mongo est qualifiée de bonne tandis que celle des groupements de Kolo Tava, de Gombe Sud, de Makuta et du groupement Kinsende est respectivement médiocre et mauvaise. . En établissant une comparaison entre le taux de prolificité moyen obtenu dans les groupements avec celui des animaux élevés dans les conditions de station, nous partageons alors le même avis avec Abi et Hosri (2002), Romero *et al.,* (1994) et Hajj (1999) que la qualité de la ration et le système d'élevage avaient un effet sur la prolificité de la chèvre locale. La chèvre commune locale du territoire de Mbanza Ngungu a une bonne prolificité comparativement avec celle des chèvres des autres régions telles que la chèvre rousse de Maradi (1,47), le caprin du Sahel tchadien (1,07-1,08), la chèvre bariolée du Niger (1,26), la chèvre naine d'Afrique occidentale (1.75), la chèvre de Massakory (1,43) et la chèvre de Baladi au Liban (1,1-1,2) (Abi Saab, 2002 ; Marichatou *et al.,* 2002).

La grande variabilité de la reproduction des chèvres observée pendant nos investigations (naissances simples, doubles, triples et quadruples et les taux de prolificité allant de 1,4 à 1,7) pourrait s'expliquer par le fait que les chèvres ayant le potentiel de se reproduire toute l'année leur activité sexuelle est sensible aux conditions alimentaires donc aux conditions locales de l'environnement (Sutherland, 1988). Une conduite adéquate en ce qui concerne en particulier les conditions alimentaires est nécessaire. D'après Chemineau et Xandé (1982), la prolificité dépend aussi fortement des conditions d'alimentation au moment de la saillie, ce qui est une conséquence de la relation entre la disponibilité alimentaire, l'état corporel et le taux d'ovulation des femelles.

Conclusion

Au terme de ce travail qui avait pour objet de disponibiliser les données sur la prolificité de la chèvre locale du territoire de Mbanza- Ngungu et dont l'hypothèse de départ était que dans tout l'espace territorial toutes les chèvres des villages et des groupements le composant ont la même prolificité. Les résultats à notre disposition démontrent que contrairement à notre hypothèse émise, la prolificité est différente au sein des villages et des groupements qui ont été couverts. Ainsi, les chèvres communes locales du groupement de Nkolo ont une prolificité excellente (1,7), celles des groupements Nkiende et Mongo ont une bonne prolificité (1,5 et 1,6), tandis que celles des groupements Kolo Tava, Gombe Sud et Makuta ont une prolificité moyenne (indice de prolificité 1,4) et enfin celles du groupement Kinsende ont une prolificité médiocre. Les mises-bas enregistrées dans ces entités territoriales se répartissent respectivement en 55,4% de l'ensemble des mises bas du territoire pour les mises-bas simples ; 40,8% pour les mises-bas doubles. Ainsi le groupement de Nkolo (38,4%) est celui dont les chèvres donnent beaucoup de naissances gémellaires tandis que les chèvres du groupement Luvaka présentent le pourcentage de gémellité le plus bas de tous les groupements enquêtés (2%). Les mises-bas triples représentent 3,8% des naissances globales. Les chèvres du groupement Nkiende donnent beaucoup plus de naissances triples (31%) suivies de celles du groupement de Nkolo (20,6%).

59.5% des naissances simples s'obtiennent à la première naissance, 25,8% pour la deuxième naissance, 8,6% pour la troisième, 3% pour la quatrième, 1,8% pour la cinquième et 1,1% pour la sixième naissance. La tendance générale est l'importance décroissante des naissances simples de la première à la sixième.

Contrairement aux mises- bas simples, les mises bas doubles sont plus importantes à la deuxième naissance (36,2%), et suivent par ordre d'importance la première naissance (25,8%), puis la troisième naissance (21,4%), ensuite la quatrième (9,4%), la cinquième (5,3%) et enfin la sixième

Les naissances triples se concentrent à la quatrième (31%), cinquième (27,5%) et à la troisième mise bas (17,2%). Dans les premières naissances 10,3% de celles-ci sont triples tandis que dans les deuxièmes 6,8% d'entre elles sont triples de même pour les sixièmes naissances. La tendance est à l'augmentation en fonction de nombre de mises bas

Les mises-bas simples sont plus élevées chez les primipares tandis que les doubles sont plus importantes chez les pluripares à partir de la deuxième et la troisième mise-bas.

Les mises-bas simples diminuent en allant des primipares vers les pluripares tandis que les naissances doubles augmentent.

Des différences significatives établies entre les différents paramètres physiques (hauteur au garrot, longueur scapulo-ischiale et la largeur à la hanche) démontrent la variabilité de nos animaux , la nécessité et l'étendue du travail de sélection et d'amélioration à entreprendre. Ainsi par exemple, la chèvre du groupement de Nkolo se distingue par l'importance de sa taille, de la longueur de son corps et de la largeur de sa hanche par rapport aux autres.

D'après les différents paramètres observés, il s'avère que chaque groupement présente son type de chèvre du point de vue de la taille, de la longueur scapulo-ischiale, de la largeur à la hanche, des mises-bas doubles et triples. L'âge, le périmètre thoracique et le poids des chèvres n'étant pas significativement différents dans les huit groupements.

Les petits ruminants sont particulièrement intéressants pour augmenter la production animale dans les zones tropicales et subtropicales en raison de leur adaptation au milieu. Les performances de reproduction doivent se référer à la notion de productivité numérique chez les mammifères utilisés pour la production de viande ; un motif d'encouragement pour la chèvre commune locale qui, d'après nos résultats réunit cette qualité.

Adeoye (1985) reconnaît que la prolificité est significativement modifiée par l'état sanitaire des femelles chez la chèvre

de Sokoto au Nigeria. Notre chèvre de Mbanza Ngungu éventuellement n'échappe pas à cette logique. Comme le reconnaît aussi Delgadillo, Malpaux et Chemineau (1997) que dans les zones tropicales et subtropicales, la reproduction des chèvres originaires des zones tempérées conservent leur caractère saisonnier avec souvent une altération des performances ; il y a lieu de capitaliser les atouts qu'offrent nos chèvres locales tels qu'énumérer ci-haut. En plus, leur capacité de limiter l'installation des parasites (résistance), leur aptitude à maintenir la production malgré l'infestation (résilience) et celle de survivre malgré les infestations parasitaires (tolérance) constituent des atouts majeurs.

Avec un taux de prolificité équivalent à 1,7 ; la chèvre du groupement de Nkolo est la plus prolifique par rapport à ses homologues des autres groupements du territoire. Sachant que la prolificité est interspécifique et raciale, il ya lieu d'explorer cette piste.

Les mises-bas sont significativement différentes dans les huit groupements avec par ordre d'importance les mises –bas simples, les mises-bas doubles et les mises-bas triples. Les mises-bas simples sont plus élevées à la première mise-bas et diminuent à la deuxième contrairement aux mises-bas doubles.

Les résultats obtenus du présent travail indiquent qu'il est impérieux de faire une analyse approfondie de l'ensemble du système de production de la chèvre dans le territoire de Mbanza Ngungu tout en mettant un accent particulier sur le contrôle de la reproduction et la sélection. Ainsi fait, nous améliorerons la production caprine en général et sa prolificité en particulier et ferons ainsi de la chèvre un ami mais non un ennemi. Ce travail étant préliminaire nous suggérons son extension dans toute la province et pourquoi pas dans tout le pays en général afin de mieux connaître la chèvre congolaise, d'amorcer ainsi un travail progressif de sélection et ainsi d'en tirer le maximum de profit s'avère une nécessité.

Bibliographie

Abi Saab et Hosri Ch., (2002): Effet du système d'élevage sur la prolificité des chèvres et la croissance des chevreaux Baladi au Liban, 9, 132, Renc. Rech. Ruminant.

Adeoye S.A.E., (1985). In: Small ruminants in African Agriculture, R.T. Wilson and D. Bourzat (eds), 18-24. ILCA, Addis Ababa, Ethiopia.

Anonyme, (2000) : Problématique de l'importation d'animaux exotiques face à la stratégie mondiale pour la gestion des ressources génétiques des animaux d'élevage, 21-23, Agrinfo n°4, revue d'informations agro-industrielles en République Démocratique du Congo.

Anonyme, (1997) : Monographie de la province du Bas-Congo, P.N.U.D./U.N.O.P.S.

Bakana B.M., (1989) : Organisation de l'amélioration génétique dans les élevages en ranching in Séminaire de formation continue destiné aux vétérinaires praticiens de la province orientale, Bunia, 28-35.

Banze-Ngoy K.W.K., (1989): Exploitation rationnelle de petits ruminants et perspectives d'amélioration de la productivité en R.D.C. in Séminaire de formation continue destiné aux vétérinaires praticiens de la province orientale, Bunia, 21-27.

Branckaert R., (1983) : La reproduction chez les petits ruminants tropicaux africains. Synthèses des connaissances actuelles. ILCA- Adis- Abeba.

Charray J., Coulomb J., Haumesser J.B., Planchenault D., Pugliese P.L., Provost A., (1980) : Les petits ruminants d'Afrique Centrale et d'Afrique de l'Ouest. IEMVT – Ministère de la coopération, Paris.

Chemineau P. et Xandé A., (1982): Reproductive efficiency of Creole meat goats permanently kept with males. Relationship to a tropical environment. Trop. Anim. Prod., 7, 98-104.

Delgadillo J.A., Malpaux B., Chemineau P. (1997) : La reproduction des caprins dans les zones tropicales et subtropicales. INRA Productions animales, 10, 33-41.

Dérivaux J., (1971) : Reproduction chez les animaux domestiques. Tome 2. Le mâle, Innsémination artificielle, Ed. Derouaux, Liège.

Faugère O., Faugère B., (1986) : Suivi des troupeaux et contrôle des performances individuelles des petits ruminants en milieu traditionnel africain. Aspects méthodologiques. Rev. El. Med. Vet. Pays trop., 39, 1,29-40.

Hajj E. (1999). Réussir. La chèvre 230, 37- 40.

INRAP, (1986) :Amélioration génétique des animaux d'élevage. Edition Foucher, Paris.

Jurg et Kessler, (2004): L'alimentation de la chèvre. Fiche technique pour la pratique. Agroscope Liebefeld-Posieux N°16.

Marichatou H., Mamane L., Banoin M. et Baril G., (2002) : Performances zootechniques des caprins au Niger : étude comparative de la chèvre rousse de Maradi et de la chèvre à robe noire dans la zone de Maradi. Revue Elev. Méd. Vét. Pays tropicaux, 2002, 55 (1) : 79-84.

Minvielle, F., (1990) : Principes d'amélioration génétique des animaux domestiques, Presse de l'Université Laval.

Mundondo E., Kashala k. (2008) : Fertilité du cheptel bovin de la ferme

Nsimba nsimba. Ann. Fac. Méd. Vét. XIX (1), 2008, 10 - 12

Perez J., Mornet P., Rérat A., (1986) : Le porc et son élevage ; bases scientifiques et techniques, INRA, 205-211.

Romero J., Santiago F., Schimada A. et Anguilar F., (1994): Small ruminant reaserch 13, 21-25.

Sutherland S.R.D., (1988): Seasonal breeding and oestrus in the female goat. Ph.D. Thesis, University of Western Australia, 116 p.

Wilson R.T., (1991): Small ruminant production and the small ruminant genetic resource in tropical Africa. Rome, FAO Animal Production and Health Paper 88, 231 p. INRA Productions

CAMEROON NATIVE GOAT POPULATIONS' GENETIC DIVERSITY AND MATERNAL ORIGIN ASSESSED BY D-LOOP MTDNA POLYMORPHISMS

Meutchieye F[1], Ema-Ngono P J[2], Djikeng A, Omeih S[3], and Manjeli Y[1].
[1]Department of Animal Production, Faculty of Agronomy and Agricultural sciences, University of Dschang-Cameroon;
[2]School of Veterinary Sciences, University of Ngaoundere-Cameroon;
[3]Biosciences in eastern and central Africa-International Livestock Research Institute-Kenya.

Abstract

Our study aimed to estimate genetic diversity and maternal origin of Cameroon native goat populations. Blood samples were randomly collected on 50 native goats belonging to 8 country agro ecological zones representing indigenous sub populations. They are morphologically known in 3 main groups, which are dwarf, medium and long legged. A selected goat mtDNA primer of expected size 778bp from literature was applied. A total of 28 caprine sequences from GenBank were used for edition, correction and alignment using Chromas Lite, Clustal X.2; ATGC PhySic Online software. Our findings showed that mtDNA D-loop sequence is highly variable in studied populations with moderately high frequency of mutations. Mitochondrial diversity of native goat populations was high (Hd = 69, with haplotype diversity = 0.9945) indicating a rich genetic diversity with 5 clades. The Cameroon goat populations belong to Haplogroup A, the most abundant in the world. Based on the previous migratory scenarios, the Cameroon native goats may have various maternal origins, Indian, Middle East and south Mediterranean regions. The results are useful for conservation and subsequent investigations may be undertaken to broaden genetic diversity particularly for production purpose.

Key words: Diversity, mtDNA, D-loop sequence, goat populations, Cameroon

DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE ET ORIGINE MATERNELLE DES POPULATIONS CAPRINES INDIGÈNES DU CAMEROUN ÉVALUÉES SUR BASE DES POLYMORPHISMES DE L'ADNMT DE LA BOUCLE D

Résumé

Notre étude avait pour objectif d'évaluer la diversité génétique et l'origine maternelle des populations caprines indigènes du Cameroun. Des échantillons de sang ont été prélevés de manière aléatoire sur 50 chèvres indigènes appartenant à 8 zones agro-écologiques du pays, représentant des sous-populations indigènes. Sur le plan morphologique, elles appartiennent à 3 principaux groupes connus : Naine, Moyenne et Longues pattes. Une amorce ADNmt de chèvre d'une dimension prévue de 778bp choisie dans la documentation a été utilisée. Au total, 28 séquences caprines de GenBank ont été utilisées pour l'édition, la correction et l'alignement en utilisant les logiciels Chromas Lite, Clustal X.2; ATGC PhySic Online. Nos résultats ont montré que la séquence de la boucle D de l'ADNmt est très variable dans les populations étudiées, avec une fréquence modérément élevée de mutations. La diversité mitochondriale des populations caprines indigènes était élevée (Hd = 69, avec une diversité haplotype = 0.9945), révélant une riche diversité génétique avec 5 clades. Les populations caprines du Cameroun appartiennent à l'haplogroupe A, le plus répandu dans le monde. Sur la base des scénarios migratoires précédents, les chèvres indigènes du Cameroun peuvent avoir diverses origines maternelles – régions de l'Inde, du Moyen-Orient et du Sud de la Méditerranée. Les résultats sont utiles pour la conservation, et des enquêtes ultérieures peuvent être entreprises pour élargir la diversité génétique, en particulier à des fins de production.

Mots-clés : Diversité, ADNmt, séquence de la boucle D, populations de chèvres, Cameroun

Introduction:

Cameroon native goats are variable while considering the phenotypes, given their geographic distribution. Commonly termed broadly West African Dwarf Goats or Djallonke goats (Messine et al, 1996; Traore et al, 2012), they are known to be relatively prolific and adapted to harsh humid environments. Goat genetic research is very recent in Cameroon (Messine et al, 1996) despite its socioeconomic values. Besides phenotypic descriptors and microsatellites analysis, mtDNA offers powerful discriminator tools, based on its one sex origin and mutability rate (Gillum and Clayton, 1978; Vignal et al, 2002; Bohonak and Vandergast, 2011; FAO, 2011). Hypervariable regions in mtDNA have been previously analyzed in many extents for molecular variations in living organisms (Brown, 1980; Excoffier et al, 1992; Vignal et al, 2002; FAO, 2008). The aim of our study was to apply mtDNA analysis to Cameroon goat ecotypes in order to assess their variability for their better use and conservation.

Materials and Methods:

Dried blood samples (n=50) were collected from non related mature goats, in 08 Cameroon ecotypes, covering the whole country goat germplasm (figure 1). Genomic DNA extraction was done following Invitrogen procedure. The amplification of mtDNA was done using the most indicated primers (Sardina et al, 2006) targeting HVR2 in goat mtDNA (table 1) following a classical PCR reaction mixture (table 2). PCR products were cleaned with TIANQUICK KIT chemicals and verification made on 1% agarose gel electrophoresis (figure 2). Amplified fragments were sequenced under ABI3730. Sequence edition and correction were done with Chromas Lite. Alignment and mutations rate were computed automatically under Clustal X.2; ATGC PhySic Online. A total of 28 caprine sequences were selected in GenBank for alignment and analysis. The accessions from GenBanK were : EF618108, EF618109, EF618110, EF618111, EF618112, EF618113, EF618114, EF618115, EF618116, EF618117, EF618118, EF618119, EF618120, EF618121, EF618122, EF618123, EF618124, EF618125, EF618126, EF618127, EF618128, EF618129, EF618130, EF618131, EF618132, EF618133, EF618134, EF618135, EF618136, EF618137, EF618138, EF618139, EF618140, EF618142, EF618144, EF618145, EF618147, EF618148, EF618149, EF618150, EF618151, EF618152, EF618153, EF618154, EF618155, EF618156, EF618157, EF618159, EF618160, EF618163, EF618164, EF618165, EF618166, EF618168, EF618169, EF618173, EF618174, EF618175, EF618176, EF618177, EF618178, EF618179, EF618180, EF618181, EF618182, EF618183, EF618185, EF618187, EF618188, EF618189, EF618190,AJ317674, AJ317675, AJ317676, AJ317677, AJ317678, AJ317680, AJ317681, AJ317682, AJ317683, J317684, AJ317685 et AF533441. These were: 06 from Eastern Africa and 06 from Western Europe; 06 from Middle East and 06 from south East Asia; and 03 from Central Asia and 01 from Pacific region. We inserted a reference population individuals (East African Small Goat, n= 4) for our investigation. The Arlequin software was used for the Analysis of Molecular Variance (AMOVA).

Results:

Our main findings on goat diversity in Cameroon assessed by mtDNA analysis are as follows: Sequences alignment from position 309 to 659 showed that in general mutations are made mainly of translocation and less deletion in our target population. Haplotypes identification made under MEGA5 and Network by joining and 1000 bootstraps grouped the samples into 05 distinct main clades, suggesting progressive dissemination and constitution of goat gene pools in the country. Haplotype diversity found in Cameroon goat is 0.9945, which is very high with 69 distinct haplotypes. Split decomposition with network GTR model Gamma correction, Bootstrap 1000 under Splitstree V.4 software showed a relative variability in Cameroon goat origins, which are all belonging to the predominant haplogroup A (figure 3). The reference samples (East African Small Goat) clustered with haplogroup B. The dispersive

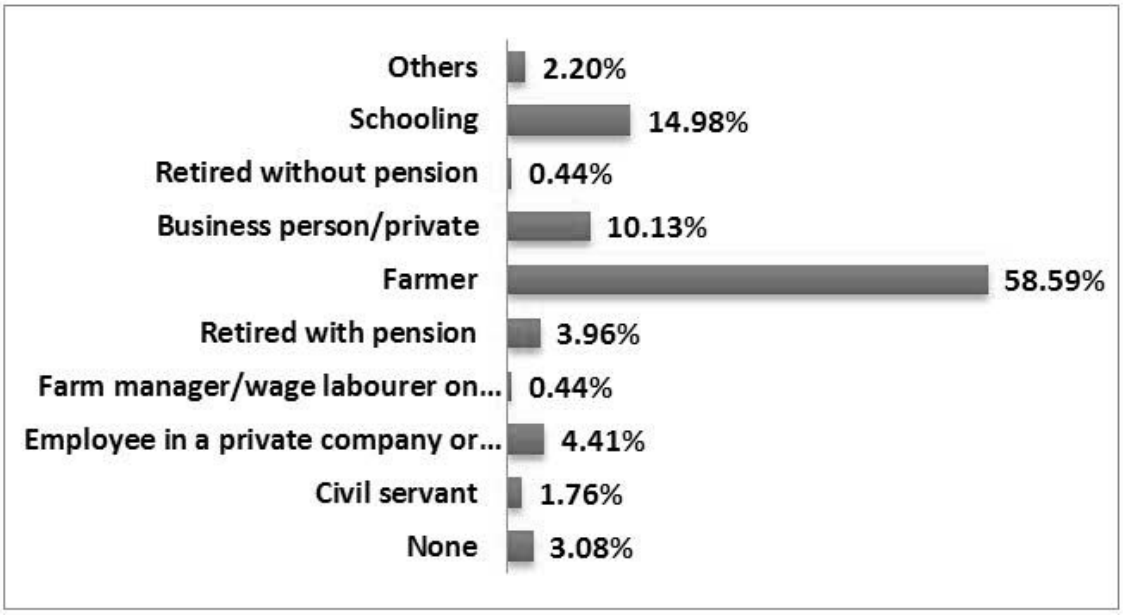


Figure 1: Bar representation of the occupations of cavykeepers in North West region

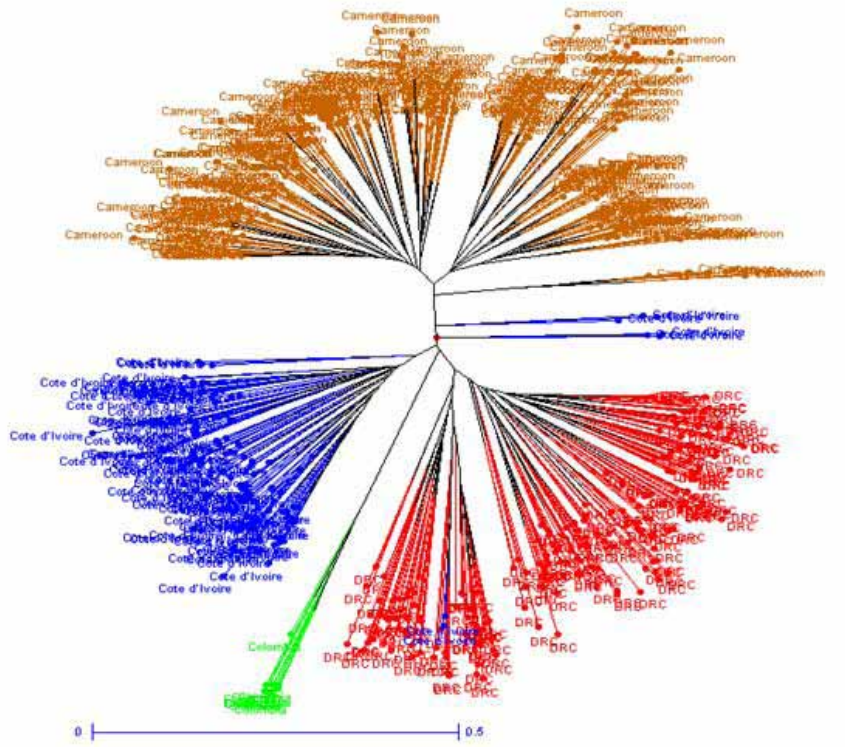


Figure 2: Cameroon Cavy populations' phylogenetic relationships with Cote d'Ivoire, DRC and Colombia

Table 1: Domestic cavy keeping motives in Cameroon

Motives for cavy keeping	Main motive	Secondary motive
Sales	33.5%	37.0%
House consumption	27.5%	35.0%
Manure	18.5%	17.8%
Secondary self employment	16.0%	6.0%
Pet	4.5%	4.2%
Total	100.0%	100.0%

Table 2: Cavy feeding systems

Feeding systems	Frequency	Percentage
Kitchen free roaming and cavies fed with fresh harvested forage	7	1.9
Kitchen free roaming and cavies fed with fresh harvested forage and kitchen wastes	340	91.4
Kitchen free roaming and cavies fed with fresh legumes and forage	4	1.1
Total kitchen free roaming	21	5.6
Non response	128	/
Total	500	100

Table 3: Livestock inventory of cavykeepers in the Western Highlands of Cameroon

Livestock species	Head Count (indigenous breed)	Head Count (Exotic breed)
Domesic cavy (Cavia porcellus)	4,379	88
Cattle (Bos taurus, *Bos indicus*)	113	17
Goat (*Capra hircus*)	448	3
Sheep (Ovis aries)	43	63
Chicken (Gallus domesticus)	1,755	2,729
Other poultry species (duck, goose…)	221	-
Rabbit (Orytolagus cunniculus)	562	-
Donkey/Horse (Equus asinus/Equus caballus)	2	-
Pig (Sus scrofa)	375	-
Bee (Apis mellifera) -Hives	323	-
Aquaculture (Ponds)	2	-
Others (Dogs, cats, etc.)	426	-

branching pattern of studied samples suggests a very rich genetic diversity. Molecular variability based on mtDNA analysis was moderately high, while comparing ecotypes pair wise, and high within ecotypes. Variations observed are due mainly to individuals (48%) than to differences among ecotypes (19%) and subgroups (33%).

Discussion:

Concerning the maternal origins of African goats, Awotunde et al, (2015) that the 2 most popular breeds of Nigeria were belonging to Haplogroup A as Cameroon goats' population which share ecological and social commonalities. Our reference population (East African Small Goat) and few of Kalahari Red Goat breed Awotunde et al, (2015) clustered in Haplogroup B. Multiple maternal origins in goats have been demonstrated by Luikart et al, (2001). The belonging of Cameroon goats' population to Haplogroup A may confirm the domestic caprine and ovine successive dissemination patterns hypotheses since Neolithic era (Hiendleder et al, 1998; Fernandez et al, 2006; Naderi et al, 2007 and 2008; Vacca et al, 2010). Haplotype diversity in Nigerian goats was close, though slightly lower (0.9820 compared to 0.9945). It was reported a total number of 68 haplotypes in Nigerian goats (Awotunde et al, 2015), which is lower than 69 haplotypes we obtained. Higher haplotype diversity may be related to genetic specificity of importance (Hagen et al, 2015). This could be also revealing the breeding and reproduction schemes implemented by goat keepers in the past (Hughes et al, 2012). The clustering of all haplotypes in putative 5 different geographical based clades could indicate a new ligneage pattern for Cameroon goats. This result could be useful for subsequent analysis as depicted by Sardina et al, (2006). The phylogenetic relationships among Cameroon goats' ecotypes are similar to findings made by Sardina et al, (2006) and Liu et al, (2007), respectively in Sicilian and Chinese goats. Our findings based on mtDNA analysis confirm the genetic origin of phenotypic variegation in Cameroon goats.

Conclusion:

It appears from our study that Cameroon goat populations vary genetically and could be clustered in 05 main groups based on haplotype diversity. All Cameroon goat ecotypes are from haplogroup A, which suggests a probable origin from the very first domestic goat ancestors. They could have reached the country in several waves. Successive migration and relative selection could explain the current mtDNA variability. Our results could enhance further and deepl exploration using other molecular tools targeting some peculiar traits, and then useful for conservation and better usage of goat resources.

Acknowledgements
Lot of thanks to Africa Biosciences Challenge Funds (CSIRO-BecA-ILRI) for funding this investigation and to ILRI-BecA Hub to have hosted the lab work. We are very grateful to all the lab scientists and technicians for guidance and collaboration.

References:

Awotunde EO, Bemji M, Olowofeso O, Ikechukwu JJ, Ajayi OO, Adebambo AO, 2015. Mitochondrial DNA Sequence Analyses and Phylogenetic Relationships Among Two Nigerian Goat Breeds and the South African Kalahari Red. Animal Biotechnology 26(3):180-7. DOI: 10.1080/10495398.2014.977907

Bohonak AJ, Vandergast AG, 2011. The value of DNA sequence data for studying landscape genetics. Molecular Ecology 20: 2477-2479.

Brown WM, 1980. Polymorphism in mitochondrial DNA of humans as revealed by restriction endonuclease analysis. Proc. Natl. Acad. Sci. – Genetics - .USA Vol. 77, No. 6, pp. 3605-3609.

Excoffier L, Smouse PE, Quattro JM, 1992. Analysis of Molecular Variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics 131: 479-491.

FAO, 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health 9, 85p.

FAO, 2008. L'état des ressources zoo génétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde. Rome, 556p.

Fernandez H, Hughes S, Vigne J-D, Helmer D, Hodgins G, Miquel C, Hänni C, Luikart G, Taberlet P,

2006. Divergent mtDNA lineages of goats in an Early Neolithic site, far from the initial domestication areas. PNAS Vol. 103 no. 42:15375–15379. www.pnas.org/cgi/ doi:10.1073/pnas.0602753103

Gillum AM, Clayton DA, 1978. Displacement-loop replication initiation sequence in animal mitochondrial DNA exists as a family of discrete lengths. Proc. Natl. Acad. Sci.- USA Vol. 75, No. 2:677-681. Biochemistry.

Gray MW, Burger G, Lang BF, 2001. The origin and early evolution of mitochondria. Genome Biology 2 (6) : reviews 1018.1–1018.5. URL : http://genomebiology.com/2001/2/6/reviews/1018.1

Hagen CM, Aidt FH, Havndrup O, Hedley PL, Jensen MK, Kanters JK, Pham TT, Henning Bundgaard H, Christiansen M, 2015. Private Mitochondrial DNA Variants in Danish Patients with Hypertrophic Cardiomyopathy. PLoS ONE 10(4): e0124540. doi:10.1371/journal.pone.0124540

Hiendleder S, Mainz K, Plante Y, Lewalski H, 1998 Analysis of Mitochondrial DNA indicates that domestic sheep are derived from two different ancestral maternal sources: no evidence for contributions from Urial and Argali sheep. Journal of Heredity 89:113–120.

Hughes S, Fernandez H, Cucchi T, Duffraisse M, Casabianca F, Istria D, Pompanon F, Vigne J-D, Hanni C, Taberlet P, 2012. A Dig into the Past Mitochondrial Diversity of Corsican Goats Reveals the Influence of Secular Herding Practices. PLoS ONE 7(1): e30272. doi:10.1371/journal.pone.0030272

Liu R-Y, Yang G-S, Lei C-Z, 2006. The genetic diversity of mtDNA D-loop and the origin of Chinese goats. Acta Genetica Sinica 33 (5):420-428.

Luikart G, Gielly L, Excoffier L, Vigne J-D, Bouvet J, Taberlet P, 2001. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. PNAS Vol. 98 no. 10: 5927–5932. www.pnas.orgycgiy/ doi:10.1073ypnas.091591198.

Messine O, Tanya VN, Mbah DA, Tawah CL, 1996. Ressources génétiques animales du Cameroun passé, présent et avenir: le cas des ruminants. Animal Genetic Resources Information 16: 47-64.

Naderi S, Rezaei H-R, Pompanon F, Blum MGB, Negrini R, Naghash H-R, Balkız O, Mashkour M, Gaggiotti OE, Ajmone-Marsan P, Kence A, Vigne J-D, Taberlet P, 2008. The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. PNAS Vol. 105 no. 46:17659–17664. www.pnas.org/cgi. doi:10.1073/pnas.0804782105

Naderi S, Rezaei H-R, Taberlet P, Zundel S, Rafat S-A, Naghash H-R, El-Barody MAA, Ertugrul O, Pompanon F, Econogene Consortium, 2007. Large-Scale Mitochondrial DNA Analysis of the Domestic Goat Reveals Six Haplogroups with High Diversity. PLoS ONE 2(10): e1012. doi:10.1371/journal.pone.0001012.

Sardina MT, Ballester M, Marmi J, Finocchiaro R, van Kaam JBCHM, Portolano B, Folch JM, 2006. Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new mtDNA lineage. Animal Genetics 37, 376–378. doi:10.1111/j.1365-2052.2006.01451.x

Traoré A, Álvarez I, Fernández I, Perez-Pardal L, Kaboré A, Ouédraogo-Sanou G, Zare Y, Tamboura HH, Royo LJ, Sangaré M, Goyache F, 2012. Ascertaining gene flow patterns in livestock populations of developing countries: a case study in Burkina Faso goat. BMC Genetics 2012, 13:35.

Vacca GM, Daga C, Pazzola M, Carcangiu V, Dettori ML, Cozzi MC, 2010. D-loop sequence mitochondrial DNA variability of Sarda goat and other goat breeds and populations reared in the Mediterranean area. J. Anim. Breed. Genet. 127: 352-360. Doi: 10.1111/j.1439-0388.2010.00863.x

Vignal A, Milan D, SanCristobal M, Eggen A. 2002. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. Genet. Sel. Evol. 34:275-305

PRODUCTION SYSTEMS, DIVERSITY AND RICHNESS OF CAVY CULTURE IN CAMEROON

Meutchieye F[1], Ayagirwe R B B[2], Wikondi J[1], Poutounynyi Y M[1], Niba A T[1], Mvogo I G N[1], Yiva H C[3], Manjeli Y[1] and Djikeng A[4]
[1]Department of Animal Science, University of Dschang, Cameroon
[2]Université Evangélique en Afrique (UEA), Bukavu, DRC
[3]Department of Rural Economics, University of Dschang, Cameroon
[4]Biosciences in eastern and central Africa –ILRI, Kenya

Abstract :

In order to assess existing cavy (Cavia porcellus) production systems of Cameroon western highlands and rain forest agro-ecological zones, a household baseline survey was carried out in a total of 500 households randomly chosen. It appears that cavy culture is a women (> 60%) and youth (>12%) driven livestock production system for both regions. The main motives are consumption (62%), income generation (32%) and manure (18%). The majority of actors are smallholders, more or less organized, with flock size varying from 3 to >500, with a mean of 16 per farmer. Average adult cavy live weight was 620g (±35). The most common production technique was 'kitchen free roaming', with only few caging. A total of 475 cavy biodata samples were collected to estimate the genetic variability using 13 microsatellites markers. Inbreeding was a real challenge in all study sites (Fis = 0.32852). Cameroon's cavy populations demonstrated four putative subpopulations with a wide range of variation, and very distant to 2 other country types. Genetic potential and breeding-related constraints were identified in all the zones. Traits of importance from farmers' views were growth, adaptability and fecundity. There is need for a well designed and comprehensive national breeding program for cavies, and increased capacity building of farmers to address mortality rates and health issues. Rapid improvements in production could be easily achieved with huge potential impacts through improved feeding and reproduction management.

Key words: Cameroon, domestic cavy, genetic diversity, husbandry, smallholders.

SYSTÈMES DE PRODUCTION, DIVERSITÉ ET RICHESSE DES COBAYES ÉLEVÉS AU CAMEROUN

Résumé

Dans la perspective d'évaluer les systèmes de production de cobayes domestiques (Cavia porcellus) dans deux zones agro-écologiques du Cameroun (hautes montagnes de l'Ouest et la forêt humide), une étude de référence a été réalisée dans un total de 500 ménages choisis de manière aléatoire. L'étude a fait ressortir que l'élevage de cobayes domestiques est un système de production animale pratiqué par les femmes (> 60%) et les jeunes (> 12%) dans les deux régions. Les principales motivations sont la consommation (62%), la production de revenus (32%) ; et le fumier (18%). La majorité des acteurs est constituée par de petits exploitants plus ou moins organisés, la taille du troupeau allant de 3 à> 500, avec une moyenne de 16 par éleveur. Le poids vif moyen d'un cobaye adulte était de 620g (± 35). La méthode de production la plus courante était « la divagation dans la cuisine », avec seulement quelques animaux gardés dans des cages. Au total, 475 échantillons de données biologiques des cobayes ont été recueillis afin de faire une estimation de la variabilité génétique à l'aide de 13 marqueurs microsatellites. La consanguinité était un véritable défi dans tous les sites d'étude (FIS = 0,32852). Les populations de cobayes du Cameroun ont montré quatre sous-populations présumées, avec une grande variété, et très éloignées de 2 autres types du pays. Le potentiel génétique et les contraintes liées à l'élevage ont été identifiés dans toutes les zones. Les traits importants du point de vue des éleveurs étaient la croissance, l'adaptabilité et la fécondité. Il

Corresponding author email: fmeutchieye@gmail.com

est nécessaire de mettre en place un programme national bien conçu et exhaustif d'élevage de cobayes et de renforcement des capacités des éleveurs afin de réduire les taux de mortalité et les problèmes de santé. Des améliorations rapides de la production pourraient facilement être atteintes, avec des impacts potentiels énormes grâce à une meilleure alimentation et gestion de la reproduction.

Mots-clés : Cameroun, cobaye domestique, diversité génétique, élevage, petits exploitants.

Introduction

Cavyculture offers an alternative for food and income generation for many rural and peri urban households in sub Sahara Africa (Dikko et al, 2009; Lammers et al, 2009). The potential has not yet been thoroughly exploited for Cameroon context where accessibility to animal protein is becoming a real challenge (Ngoupayou et al, 1995). Beside the production systems per se, genetic material introduced in various stages from South America has received little or no attention. Recent molecular techniques opened wide the opportunity to characterize extant cavy populations (Sportono et al, 2004). The aim of our study was respectively to assess the cavy production systems and cavy populations' genetic variability in Cameroon.

Material and methods:

A baseline survey was undertaken on a total 500 households randomly chosen using snow ball approach in western highlands and rainfall agroecological zones of Cameroon. Data were analyzed under SPSS 18.0. Genomic DNA was extracted from 475 FTA cards collected from non related cavy individuals. Following Sportono et al, (2004) procedure genetic variability was evaluated using 13 cavy microsatellites and data processed under GenAlex 6.0. Native populations were genetically compared to some cavy populations from Colombia, Cote d'Ivoire and Democratic Republic of Congo.

Results

Cavy production systems:

It appears from our findings (not shown) that cavy keeping is a women (> 60%) and youth (>12%) driven livestock production system. Our results indicate (table 1) that, the main motives are consumption (62%), income generation (32%) and manure (18%). Majority of actors are smallholder farmers (figure 1), more or less organized, with flock size varying from 3 to >500, average adult cavy live weight being 620g (±35), with a mean of 16 per farmer (data not shown). Health and feeding were the highest constraints faced by cavy keepers. Our study revealed that only 4% of cavy keepers are able to feed their flock with both grass and legume forages (table 2). The most common production technique is 'kitchen free roaming', with only few caging. Total penning is very scarce in general. High mortalities are noted in all households, particularly for kids before weaning stages. Sudden mortalities are also common (data not shown) depriving the overall growth of cavy populations. Cavykeepers in the region also keep varieties of other livestock species (table 3) for diverse reasons. Cavies kept by the interviewees are mainly native, means they have been bred locally and adapted to the systems. About 2% of the total cavy population are said to be exotic, deriving from a recent importation of heavy brown breed from Ecuador by the livestock based Non Governmental Organization Heifer International Cameroon (Niba et al, 2012).

Cavy population genetic diversity:

All the 13 loci applied in this study were polymorphic. From molecular analysis, it appears that inbreeding is a real challenge in all study sites with inbreeding index (Fis) = 0.32852 (data not shown). Cameroon cavy population is very distinct with a clearly 02 genetic types and that are structured according to their respective origin in general (data not shown). Phylogenetic relationships (figure 2) show a clear distinction of Cameroon genepool from

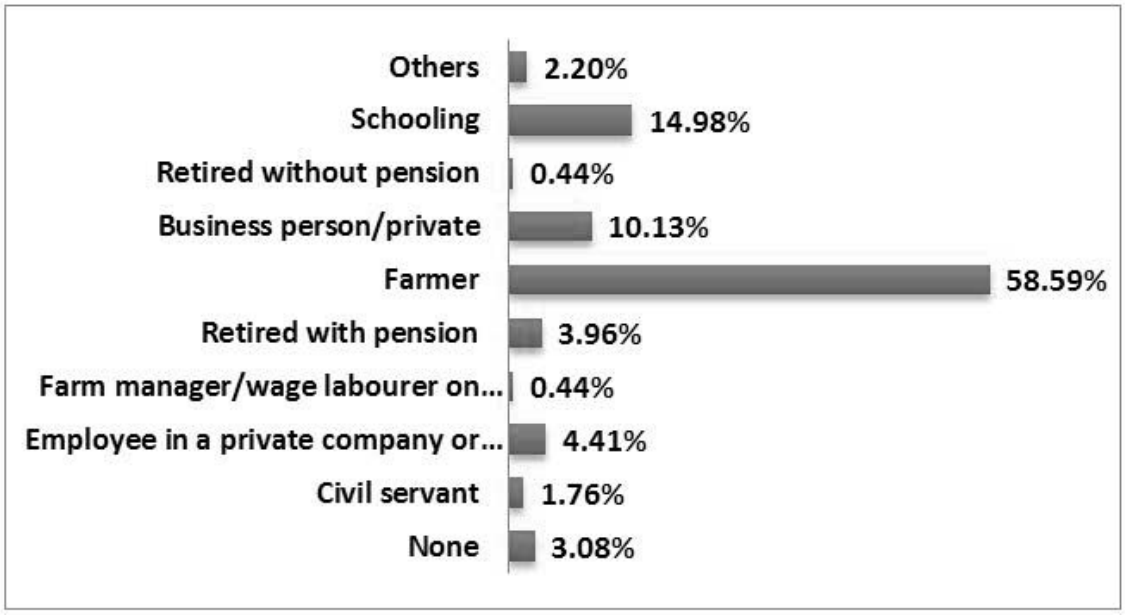


Figure 1: Bar representation of the occupations of cavykeepers in North West region

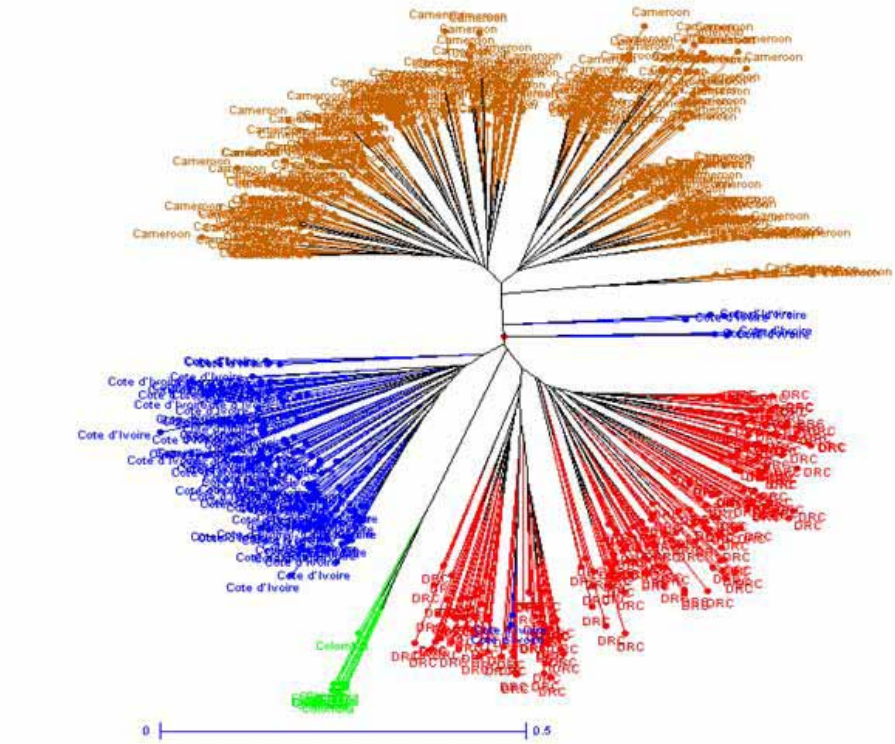


Figure 2: Cameroon Cavy populations' phylogenetic relationships with Cote d'Ivoire, DRC and Colombia

Table 1: Domestic cavy keeping motives in Cameroon

Motives for cavy keeping	Main motive	Secondary motive
Sales	33.5%	37.0%
House consumption	27.5%	35.0%
Manure	18.5%	17.8%
Secondary self employment	16.0%	6.0%
Pet	4.5%	4.2%
Total	100.0%	100.0%

Table 2: Cavy feeding systems

Feeding systems	Frequency	Percentage
Kitchen free roaming and cavies fed with fresh harvested forage	7	1.9
Kitchen free roaming and cavies fed with fresh harvested forage and kitchen wastes	340	91.4
Kitchen free roaming and cavies fed with fresh legumes and forage	4	1.1
Total kitchen free roaming	21	5.6
Non response	128	/
Total	500	100

Table 3: Livestock inventory of cavykeepers in the Western Highlands of Cameroon

Livestock species	Head Count (indigenous breed)	Head Count (Exotic breed)
Domesic cavy (Cavia porcellus)	4,379	88
Cattle (*Bos taurus*, *Bos indicus*)	113	17
Goat (*Capra hircus*)	448	3
Sheep (*Ovis aries*)	43	63
Chicken (Gallus domesticus)	1,755	2,729
Other poultry species (duck, goose…)	221	-
Rabbit (Orytolagus cunniculus)	562	-
Donkey/Horse (Equus asinus/Equus caballus)	2	-
Pig (Sus scrofa)	375	-
Bee (Apis mellifera) -Hives	323	-
Aquaculture (Ponds)	2	-
Others (Dogs, cats, etc.)	426	-

2 other reference Sub Saharan Africa countries and with Colombian samples.

Discussion:

The major cavy production system we observed in our findings was earlier described as traditional "guinea pig" management system (Manjeli et al, 1998). Most of challenges were also reported by Dikko et al, (2009) in Nigeria which share commonalities with Cameroon humid regions. Markets seem to be not well organized though trading channels exist. Non conventional or minilivestock species do not attract policy makers who keep such livestock in their blind sight side. The opportunities

for better cavy keeping development were discussed by Niba et al, (2012) and should be connected with indigenous knowledge gathered with lengthy experience. The genetic variability and populations' segregation we encountered could have been caused by isolation or introduction of foreign "blood" into local genepool (Niba et al, 2012) or fragmentations because of isolation. There have been some temporal private initiatives to disseminate heavy Central America breeds in order to improve the live body weight of native genetic types.

Conclusion:

Cavyculture in Cameroon is dominated by smallholder systems, with variegated cavy populations. Developing opportunities are enormous, while considering better feeding practices and health management, as well as reproduction to address inbreeding issues. Solutions could be tapped locally from available resources, within the country or in connection with other African countries. Further work should emphasis on genomic investigation related to growth and disease resistance, and also in the possibility to develop a robust national cavy breeding scheme.

Acknowledgments:

We gratefully acknowledge the financial support provided to the Biosciences eastern and central Africa hub at the International Livestock Research Institute (BecA-ILRI Hub) by the Australian Agency for International Development (AusAID) through a partnership between Australia's Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization (CSIRO) through the research Project No. CSI002-GUI.

References

Dikko AH, Egena SSA, Malik AA, Ibrahim H, 2009. Guinea Pig (Cavia porcellus) as an untapped protein source for man: The Potentialities, Opportunities and Challenges. Proceedings of 14th Annual Conference of Animal Science Association of Nigeria (ASAN) September 14th – 17th 2009, LAUTECH Ogbomoso, Nigeria.

Lammers PJ, Sarah LC, Gretchen AZ, Mark SH, 2009. Reducing food insecurity in developing countries through meat production: the potential of the Guinea Pig (Cavia porcellus). Renewable Agriculture and Food Systems 24(2): 155-162.

Manjeli Y, Tchoumboué J, Njwé RSM, Teguia A, 1998. Guinea-pig productivity under traditional management. Trop. Anim. Hlth Prod. 30 (2): 115-122.

Ngoupayou JD, Kouonmenioc NJ, Tagny JMF, Cicogna M, Castroville C, Rigoni M, Hardouin J, 1995. Possibilités de développement de l'élevage du cobaye en Afrique subsaharienne: le cas du Cameroun. World Animal Review 83(2):20-28.

Niba AT, Meutchieye F, Fon D, Laisin AG, Taboh H, Njakoi H, Bela Tomo A, Maass BL, Djikeng A, Manjeli Y, 2012. Current situation of cavy production in Cameroon: Challenges and opportunities. Livestock Research for Rural Development, Vol. 24, Article # 194. http://www.lrrd.org/lrrd24/11/niba24194.htm.

Spotorno AE, Valladeres JP, Marin JC, Zeballos H, 2004. Molecular diversity among domestic guinea-pigs (Cavia porcellus) and their close phylogenetic relationship with the Andean wild species Cavia tschudii pigs. Revista Chilena de Historia 77:243-250.

PHENOTYPIC FEATURES OF CAMEROON NATIVE GOATS UNDER TRADITIONAL MANAGEMENT

Meutchieye F[1], Katchouang A S N[1], Tangomo A N[1], Djoulde S A[1], Agaba M[2] and ManjeliY[1]
[1]Department of Animal Science, University of Dschang, Cameroon
[2] Biosciences in eastern and central Africa –ILRI, Kenya

Abstract:

In order to assess genetic variability of native goats under traditional conditions, a total of 511 mature goats were sampled in 2 agro ecological zones, Coastal (n=262) and High Humid Savannah (n=249) regions. According to coat color patterns polymorphisms, goat populations are highly variegated with agouti Primarity Index (aPI) and segregation at agouti locus Primarity Index (sPI) equal to 1. Coat colors varied from solid black to full white, with many black, red, brown, and white combinations, with black predominant. Mean body measurements were as follows: live body weight, 22kg; height at withers, 50cm; body length, 57cm; horn length, 9cm; heart girth, 67cm. While goats in High Savannah region tended to be slender, those of Coastal were mostly compact. Goats were kept for meat (household consumption or sales on hooves). Our findings show the tendency of smallholder goat farmers to maintain genetic diversity, based on visible polymorphisms for different purposes. Further investigations will help to understand the rationale and widely management strategies applicable to domestic animals under similar conditions.

Key words: Cameroon, Genetic resources, Husbandry, Variability visible, polymorphisms.

TRAITS PHÉNOTYPIQUES DES CHÈVRES LOCALES DU CAMEROUN ÉLEVÉES EN SYSTÈME TRADITIONNEL

Résumé

Afin d'évaluer la variabilité génétique des chèvres locales élevées dans des conditions traditionnelles, un total de 511 chèvres matures a été échantillonné dans 2 zones agro-écologiques – une zone côtière (n = 262) et une savane haute humide (n = 249). Les polymorphismes observés pour la couleur de la robe indiquent que les populations de chèvres sont extrêmement panachées, l'indice de primarité agouti (aPI) et l'indice de primarité loci en ségrégation (sPI) étant égaux à 1. Les couleurs de robe variaient entre le noir uni et le blanc, avec beaucoup de combinaisons de noir, rouge, brun et blanc, la couleur noire étant prédominante. Les mensurations corporelles moyennes notées étaient les suivantes : poids vif 22 kg ; hauteur au garrot 50cm ; longueur du corps 57cm ; longueur des cornes 9cm ; tour de poitrine 67cm. Si les chèvres de la haute savane étaient généralement minces, celles de la zone côtière avaient pour la plupart un aspect compact. Les chèvres étaient élevées pour leur viande (consommation des ménages ou vente d'animaux vivants). Nos résultats font ressortir la tendance des petits éleveurs de chèvres de maintenir la diversité génétique, compte tenu des polymorphismes visibles, à des fins différentes. Des études plus approfondies permettraient de bien comprendre les raisons de leur choix et les stratégies d'élevage largement applicables aux animaux domestiques dans des conditions similaires.

Mots-clés : Cameroun, ressources génétiques, élevage, variabilité visible, polymorphismes

Corresponding author email: fmeutchieye@gmail.com

Introduction:

Native genetic resources are seriously threatened all over the world for many reasons (FAO, 2008; Danchin-Burge, 2002). Varieties of tools have been developed to evaluate and monitor animal genetic resources, among which visible polymorphisms are important in domestic species (FAO, 2011; Lauvergne et al, 2011). Based on metrics and coat variability, experimental studies were done in Africa (Bourzat et al, 1993; Khemeci *et al.,* 1996) and in Europe (Bouchel et al, 1997) to estimate goats' population diversity. Our study aimed at assessing genetic variability in Cameroon native goat populations under traditional management.

Material and methods

A total of 511 mature and unrelated goats were randomly sampled in 2 Cameroon agro ecological zones, Coastal (n=262) and High Humid Savannah (n=249) regions. Coat colour patterns chart developed by Lauvergne et al, (1993) was applied to estimate agouti locus Primarity Index (aPI) and qualitative appendices traits to evaluate segregation at agouti locus Primarity Index (sPI). The body measurements and related data were collected following the method described by Bouchel et al, (1997). An individual data sheet was used integrating collection sites waypoints.

Results

Visible polymorphisms

It appears from our study that the Cameroon native goats in the 2 regions display all the existing described coat colour patterns, with not yet well understood combinations (table 1). Coat colors vary from solid black to full white, with many black, red, brown, and white combinations, with black predominant. Irrespective of the locations, both subpopulations have their primarity indices (aPI and sPI) equal to 1. This means these goats populations can be considered as belonging to non standardized or traditional goat group. Visible polymorphisms are important in Cameroon native goats when appendices and profiling are considered (table 2). Again this is a strong sign of a relatively non homogenous population.

Body measurements

It appears in our findings that, goats from the coastal region are significantly heavier than those from the northern humid savannah, though the former seem to have stronger legs (table 3). Significant variations exist within region and among the two sub-populations probably because of husbandry systems as well as feed resources availed to animals. Mean body measurements were as follows (data not shown): live body weight, 22kg; height at withers, 50cm; body length, 57cm; horn length, 9cm; heart girth, 67cm. While goats in High Savannah region tended to be slender, those of Coastal were mostly compact. Goats were kept mostly for meat (household consumption or sales alive). While estimating the metabolic indicators through chest dimensions, it appears from our analyses that chest width is significantly higher for humid Savannah goats compared to the coastal ones, which have bigger chest girth and depth (table 4). This may be a consequence of adaptation to the high moisture content of the air and permanent hot environment at the same time. Body lengths and height at withers from our study tend to be variable, but with significant intra region variations (table 5). Coastal region goats in general tend to be longer (body length) than higher (height at withers) compared to humid Savannah goats in general.

Discussion

Goats keepers in many tropical countries tend to maintain high visible polymorphisms in their flock (Lauvergne et al, 1993; Khemeci et al, 1996; Messine et al, 1996). Some of the qualitative traits are regarded as indicators of important breeding characters (Ozoje, 2002). Thus, Cameroon goat populations are variegated and could be considered as primary or traditional populations, with a high

Table 1: Coat color pattern distribution in coastal and humid savannah goats

Coat color pattern	Coastal region		High Humid Savannah	
	Number	(%)	Number	(%)
Eumelanic	23	8.80	44	17.70
Badger face	3	1.10	1	0.40
Eumelanic spotted legs	21	8.00	9	3.60
Eumelanic white belly	25	9.50	25	10.00
Front mantled	12	4.60	12	4.80
Rear mantled	3	1.10	5	2.00
Chamoisé	27	10.30	37	14.90
Wild	5	1.10	12	4.80
Wild without list	5	1.90	10	4.00
Phaeomelanic	14	5.30	30	12.00
Phaeomelanic white belly	21	8.00	12	4.80
Variegated	103	39.3	52	20.90
Total	262	100.0	249	100

Table 2: Morphological features of Cameroon native goats

Trait	Phenotype	Percentage (%)
Face profile	Concave	69.90
	Convex	0.40
	Straight	29.70
Ears	Erected	53.40
	Horizontal	39.50
	Dropping	6.90
Horn forms	Scimitar	0.60
	Spiral	9.40
	Curved	43.80
	Straight	46.20
Horns' orientation	Rear	45.20
	Curled	0.80
	Lateral	1.00
	Straight	53.00
Horns	Present	99.80
	Absent	0.20
Wattles	Present	2.50
	Absent	97.50
Beard	Present	76.10
	Absent	23.90

Table 3: Livebody weight and cannon diameter in Cameroon goats

Regions	Divisions	Livebody weight		Cannon diameter	
		Mean ± s.d (kg)	CV%	Mean ± s.d (kg)	CV%
High Humid Savannah	Djerem	21.72± 6.51^{bc}	29.97	7.69±0.53^{bc}	6.89
	Faro et Déo	19.87±5.17^{ab}	26.01	7.68±0.33^{bc}	4.29
	Mayo Banyo	21.09±6.67^{abc}	31.62	7.49±0.45^{abc}	6.00
	Mbere	22.35±7.06^{bc}	31.58	7.73±1.12^{c}	14.48
	Vina	20.21±6.80^{ab}	33.64	7.70±0.1^{bc}	1.29
Coastal	Moungo	22.63±6.21^{bc}	27.44	7.44±0.39^{abc}	5.24
	Nkam	21.71±4.18^{bc}	19.25	7.36±0.33^{ab}	4.48
	Sanaga Maritime	18.27±4.44^{a}	24.30	7.17±0.50^{a}	6.97
	Fako	23.99±7.70^{c}	32.09	7.39±0.58^{abc}	7.84
	Meme	22.43±7.71^{bc}	34.37	7.52±0.34^{abc}	4.52
	Ndian	24.33±4.55^{c}	18.70	7.48±0.18^{abc}	2.40
	Total Mean	21.58± 6.42	29.74	7.53±0.68	9.03

Table 4: Chest dimensions in Cameroon native goats from two regions

Regions	Divisions	Chest width		Chest depth		Chest girth	
		Mean ± s.d (cm)	CV%	Mean ± s.d (cm)	CV%	Mean ± s.d (cm)	CV%
High Humid Savannah	Djerem	14.02± 2.12^{c}	15.12	24.74± 2.14a	8.65	64.73 ± 6.25^{a}	9.66
	Faro et Déo	15.59 ± 2.44^{c}	15.65	25.54 ± 2.01^{abcd}	7.87	66.75 ± 5.93^{ab}	8.88
	Mayo Banyo	13.90 ± 2.23^{c}	16.04	24.80 ± 2.06^{a}	8.31	65.17 ± 6.62^{ab}	10.16
	Mbere	15.10± 2.09^{c}	13.84	25.21 ± 2.19^{abc}	8,69	65.82 ± 6.95^{ab}	10.56
	Vina	12.12 ± 3.01^{b}	24.83	25.29 ± 2.70^{abc}	10.68	66.19± 8.18^{ab}	12.36
Coastal region	Moungo	10.94 ±5.42^{ab}	49.54	26.48 ± 2.53^{cde}	9.55	67.74 ± 7.32^{ab}	10.81
	Nkam	10.18± 6.67^{a}	65.52	26.10 ± 2.29^{bcd}	8.77	66.54± 9.03^{ab}	13.57
	Sanaga Maritime	9.33±1.84^{a}	19.72	24.99 ± 2.43^{ab}	9.72	64.02±5.32^{a}	8.31
	Fako	10.50 ±2.25^{ab}	21.43	26.47 ± 3.20^{cde}	12.09	69.45± 9.78^{bc}	14.08
	Meme	10.72±2.42^{ab}	22.57	27.52 ± 2.98^{e}	10.83	72.72± 8.83c	12.14
	Ndian	10.14±1.78^{a}	17.55	26.67 ± 1.59^{de}	5.96	67.16 ± 13.40^{ab}	19.95
	Total Mean	11.95±4.18	34.98	25.79 ± 2.58	10.00	66.91± 8.25	12.32

$^{a, b, c}$: the values with the same superscript in the column implies non significant variation (P< 0.05) CV= coefficient of variation computed with the formula CV = (s.d/mean) x 100

maintenance of recent mutants (Lauvergne et al, 2011). The variability of body measurements could be explained by spatial and ecological conditions (Bourzat et al, 1993; Dossa et al, 2007). Some of the body measurements are evolution indicators and selection potential in goats (Lauvergne et al, 1997). Traditional practices in goat keeping is built on a certain rationality not well understood nor captured by many scholars who ignored the importance of indigenous knowledge with attached values (Manjeli et al, 1996).

Table 5: Body lengths and height at withers in Cameroon native goats from two regions

Regions	Divisions	Body length		Scapulo-ischial length		Height at withers	
		Mean ± s.d (cm)	CV%	Mean ± s.d (cm)	CV%	Mean ± s.d (cm)	CV%
High Guinean Savannah	Djerem	57.54±5.39^{ab}	9.37	49.07±4.18abc	8.51	49.89±4.46^{b}	8.93
	Faro et Déo	57.02±5.72^{ab}	10.03	49.40±4.19^{bc}	8.48	50.58±3.28^{b}	6.48
	Mayo Banyo	56.97±6.22^{ab}	10.92	48.07±3.75^{abc}	7.80	48.52±3.86^{ab}	7.95
	Mbere	57.99±6.57^{b}	11.33	49.51±5.23^{bc}	10.56	50.29±6.68^{b}	13.28
	Vina	55.55±6.47^{ab}	11.65	47.81±5.35^{abc}	11.19	50.15±5.79^{b}	11.54
Coastal region	Moungo	55.68±5.44^{ab}	9.77	47.28±4.69^{ab}	9.91	49.55±3.97^{ab}	8.01
	Nkam	56.58±4.18^{ab}	7.39	47.95±3.18^{abc}	6.63	48.84±3.38^{ab}	6.92
	Sanaga maritime	54.53±4.69^{a}	8.60	46.59±5.08^{a}	10.90	47.35±3.75^{a}	7.91
	Fako	58.74±7.48^{b}	12.73	50.02±6.26^{c}	12.51	50.18±5.82^{b}	11.59
	Meme	58.64±7.56^{b}	12.89	49.76±6.46^{bc}	12.98	50.12±3.99^{b}	7.96
	Ndian	58.41±4.11^{b}	7.04	49.73±3.91^{bc}	7.86	49.34±1.87^{ab}	3.79
	Total Mean	56.72±6.03	10.63	48.38±4.95	10.23	49.59±4.73	9.53

$^{a, b, c}$ the values with the same superscript in the column implies non significant variation (P< 0.05) CV= coefficient of variation computed with the formula CV = (s.d/mean) x 100

Conclusion

Our study shows that Cameroon native goats are belonging to traditional or primary populations, giving thus high possibilities to selection for development of breeds depending on targeted objectives. This study also shows that better management policies are needed for proper conservation and utilization purposes. Current molecular tools (FAO, 2011) will be helpful to tap interesting traits from the genetic richness in studied native goats.

Acknowledgments

We gratefully acknowledge the financial and technical support provided by the Biosciences eastern and central Africa hub at the International Livestock Research Institute (BecA-ILRI Hub) and by the Swedish Government through the Project SWE010-GDL which made this work possible.

References

Bouchel D, Lauvergne JJ, Guibert E, Minviell, F, 1997. Etude morpho-biométrique de la chèvre du Rove. Hauteur au garrot (HG), profondeur du thorax (PT), vide sous-sternal (VSS) et indice de gracilité sous-sternale (IGs) chez les femelles. INRA Prod Anim. 148 (6) : 37-46.

Bourzat D, Souvenir-Zafindrajaona P, Lauvergne JJ, Zeuh V, 1993. Comparaison morpho-biométrique de chèvres au Nord Cameroun et au Tchad. Revue Elev. Méd. vét. Pays trop. 46 (4): 667-674.

Danchin-Burge C, 2002. Les races locales caprines : du délaissement au développement. Département de Génétique, Institut de l'Elevage. pp.17 http://www.inst-elevage.asso.fr/html1/IMG/pdf/BilanOuest03.pdf

Dossa LH, Wollny C, Gauly M, 2007. Spatial variation in goat populations from Benin as revealed by multivariate analysis of morphologocal traits. Small Rumin. Res. 73: 150–159.

FAO, 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health 9, 85p.

FAO, 2008. L'état des ressources zoo génétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde. Rome, 556p.

Khemici E, Mamou M, Lounis A, Bounihi D, Ouachem D, Merad T, Boukhetala K, 1996. Etude des ressources génétiques caprines du nord à l'aide des indices de primarité. Animal Genetic Resources Information N°17: 61-71.

Lauvergne JJ, Millar P, Meutchieye F, Bouchel D, 2011. Visible genetic polymorphisms in domesticated animal species (Review). CAB Reviews: Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources 2011 6, No. 060

Lauvergne JJ, Bouchel D, Minvielle F, Guibert E, 1997. Etude morpho-biométrique de la chèvre du Rove.II. Longueur d'oreille (LO) et indice auriculothoracique (Iat) chez les femelles. INRA Prod Anim. 148 (6): 501-510.

Messine O, Tanya VN, Mbah DA, Tawah CL, 1996. Ressources génétiques animales du Cameroun passé, présent et avenir: le cas des ruminants. Animal Genetic Resources Information 16: 47-64.

Ngo Tama AC, Bourzat D, Souvenir-Zafindrajaona P, Lauvergene JJ, 1996. Caractérisation génétique des caprins du Nord-Cameroun. In Proceedings of the Third Biennial Conference of the African Small Ruminant Research Network UICC, Kampala, Uganda, 5-9 December 1994; pp: 55-62.

Lauvergne JJ, Bourzat D, Souvenir-Zafindrajaona P, Zeuh V, Ngo Tama AC, 1993. Indices de primarité de chèvres au Nord Cameroun et au Tchad. Revue Elev. Méd. vét. Pays trop., 46 (4): 651-665

Manjeli Y, Tchoumboué J, Téguia A, Zango P, 1996. Productivity of West African Dwarf Goats under traditionnal management in the western Highlands of Cameroon. World Review of Animal Production, Vol. 31, N°1-2, 88-92.

Ozoje, M.O. 2002. Incidence and relative effects of qualitative traits in the west African dwarf goat. Small Rumin. Res. 43: 97-100.

PRIMARITY AND BIOMETRIC INDICES OF NATIVE GOATS IN WESTERN CAMEROON

Meutchieye F and Manjeli Y
Department of Animal Production, Faculty of Agronomy and Agricultural Sciences, University of Dschang-Cameroon

Abstract

Goats are well integrally part of communities' livelihoods in both rural and urban regions in Cameroon. Our study intended to contribute to genetic characterization of native goats populations found in one of the highest populated region based on morphometric indices as developed by Lauvergne and COGNOSAG standards for small ruminants. A total of 221 mature goats, both males and females were sampled in this investigation. Our findings showed that the native goats are dwarf or brevipes. Color patterns identified are very wide from monochrome to variegated spotting. Based on segregation and locus agouti distribution indices, the mean value of 0.9 and 1 obtained indicated that the native goats are of primary type and form a traditional –non standardized population. This implies huge selection potentials for communities' needs. Molecular tools could be applied for further analyses and better management prospects.

Key words: Genetic variability, Morphometrics, visible polymorphism, Goats, Cameroon

PRIMARITÉ ET INDICES BIOMÉTRIQUES DES CHÈVRES INDIGÈNES DE L'OUEST DU CAMEROUN

Resume

Les chèvres font partie intégrante des sources de revenu des communautés des régions rurales et urbaines du Cameroun. Notre étude avait pour objet de contribuer à la caractérisation génétique des populations de chèvres indigènes de l'une des régions les plus peuplées, sur la base des indices morphométriques développés par Lauvergne et les normes COGNOSAG pour les petits ruminants. Un total de 221 chèvres matures, mâles et femelles, a été échantillonné dans le cadre de cette étude. Nos résultats ont montré que les chèvres indigènes sont naines ou brevipes. Les couleurs de robe identifiées sont très variées, allant de la monochromie à la bigarrure. Selon les indices de ségrégation et de distribution du locus Agouti, les valeurs moyennes de 0,9 et 1 obtenues sont une indication que les chèvres indigènes sont de type primaire et forment une population traditionnelle non homogène. Ceci laisse entendre qu'il y a d'énormes possibilités de sélection pour les besoins des communautés. Les outils moléculaires pourraient être utilisés pour des analyses supplémentaires et de meilleures perspectives d'élevage.

Mots-clés : variabilité génétique, morphométrie, polymorphisme visible, chèvres, Cameroun

Corresponding author email: fmeutchieye@gmail.com

Introduction :

Goats are very crucial assets to rural and peri urban populations of Cameroon. This livestock species is well integrated in food and sociocultural (Hodges, 1999; Tchouamo et al, 2005). The present tendencies of urbanization and land management in the western highlands with high population densities may considerably affect the goat husbandry and thus the genetic evolution of this livestock (Ademosun, 1994; Manjeli et al, 1996). Visible polymorphism approach has been applied recently to assess genetic variability in small ruminants in several countries out of Africa. It was only in the northern Cameroon and southern Chad that Lauvergne et al, (1993) determined the goat population variability based on such method. It is well known that trading systems network most Cameroonian regions. Only a good understanding of genetic profile and makeup could enable the development of coherent and pertinent management policies and strategies. These are fundamental for a future better use of goat as rapid source for animal proteins in less resources environment displaying an increased demand of goat meat (Ayissi Mbala, 1992; Mubvumi, 1993; Devendra, 2001). We aimed in this work at contributing to characterize native goat population genetic diversity in Cameroon. Our objectives were to estimate primarity indices, both at Agouti locus and segregation, as well as gracility and auricular indices.

Materials and methods :

Research site :

West region in included within Cameroon guinean highlands (figure 1). L'Ouest fait partie de la région soudano guinéenne d'altitude (Fig. 1). Livestock keeping is a very long tradition in the area (Boutrais, 1995). The choice of administrative divisions was based on the relative abundance of goat farming.

Sampling :

A total of unrelated 221 goats, both male and female, their maturity examined based on dentition (Matika et al, 1992) were considered in the respective divisions: Mifi (n=74), Bamboutos (n=45), Menoua (n=57), Hauts Plateaux (n=35) and Koung-Khi (n=80).

Parameters and analyses:

Visible qualitative traits data were collected in a classical purposive sheet designed for this type of research (Lauvergne et al, 1993). Coat color patterns chart developed by Danchin-Burge (2003) was applied in this study. Livebody weight (in kg) was collected using a Globebrand weighing scale with 200g. Height at withers and chest depth (in cm) were collected using a linear tailor tape (Ayoade, 1981). Ear length (in cm) was obtained by using a compass. Indices were computed using the following formulas (Lauvergne et al, 1993):

- Locus Agouti primarity index (aPI) = na/Na; where na is the number of agouti genes observed and where Na is the total number of agouti genes considered.
- Segregation primarity index at agouti locus (sPI) = ns/Ns; where ns is the number of segregating genes observed and Ns the total number of segregating genes considered.
- Auricular index (AI) = ear length/chest depth.
- Gracility index (GI) = (height at withers-chest depth)/chest depth.

All analyses were performed under SPSS 11.0 software.

Results :

Locus Agouti primarity index (aPI):

It appears from our findings that Cameroon west highlands goats display all coat color patterns identified in domestic populations (figure 2). Distribution of each color patterns varies from locations (table 1). The total Agouti primarity index in our study was 1. The dominant color is black with brown. It was also observed that some patterns were very difficult to align with existing models.

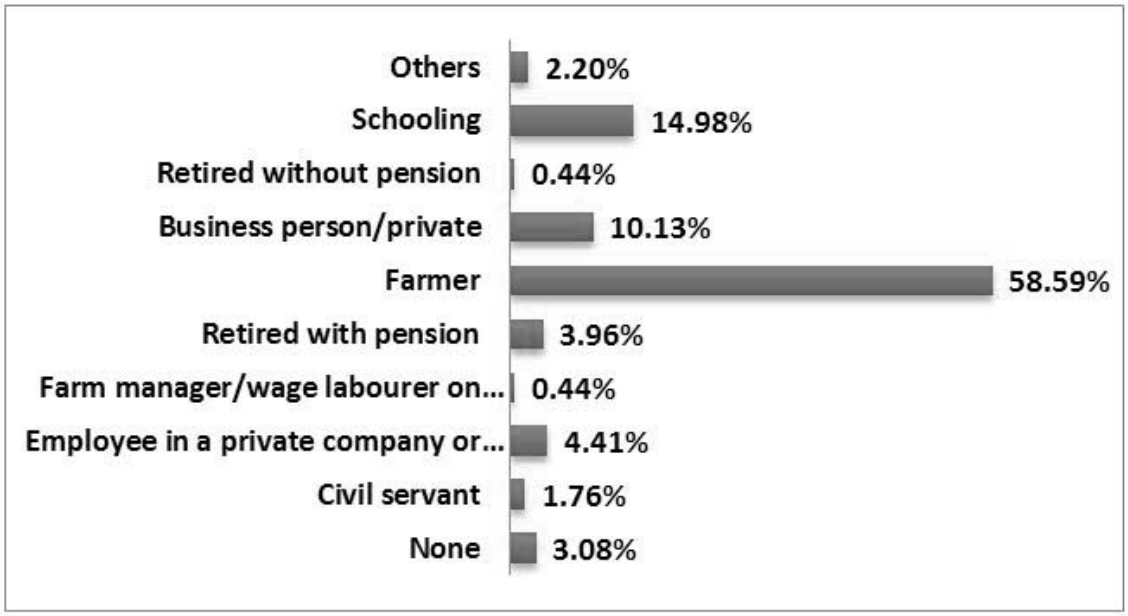


Figure 1: Bar representation of the occupations of cavykeepers in North West region

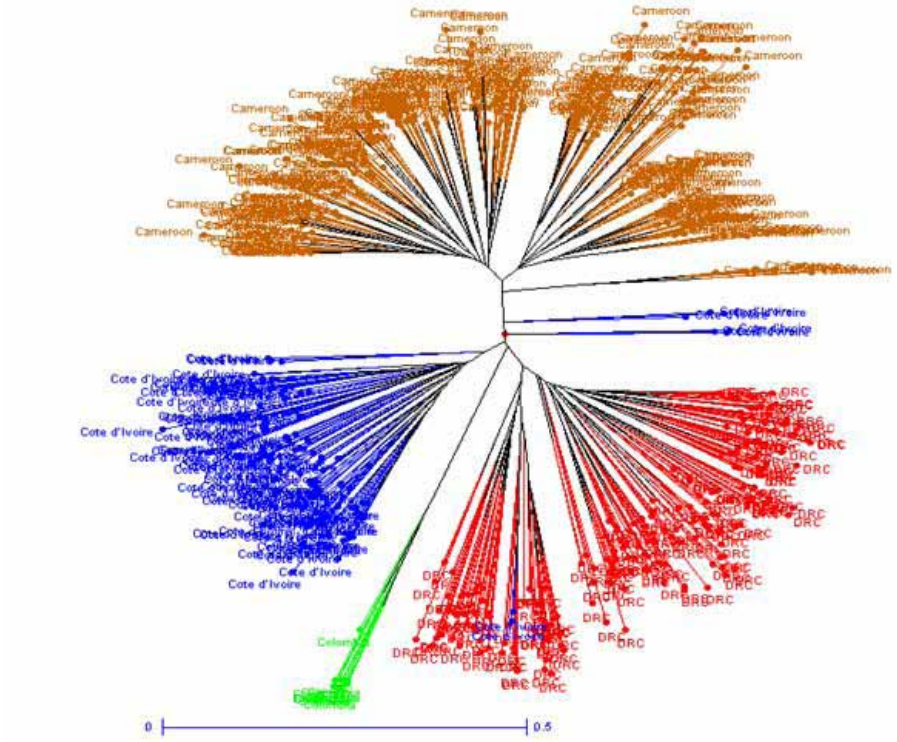


Figure 2: Cameroon Cavy populations' phylogenetic relationships with Cote d'Ivoire, DRC and Colombia

Table 1: Domestic cavy keeping motives in Cameroon

Motives for cavy keeping	Main motive	Secondary motive
Sales	33.5%	37.0%
House consumption	27.5%	35.0%
Manure	18.5%	17.8%
Secondary self employment	16.0%	6.0%
Pet	4.5%	4.2%
Total	100.0%	100.0%

Table 2: Cavy feeding systems

Feeding systems	Frequency	Percentage
Kitchen free roaming and cavies fed with fresh harvested forage	7	1.9
Kitchen free roaming and cavies fed with fresh harvested forage and kitchen wastes	340	91.4
Kitchen free roaming and cavies fed with fresh legumes and forage	4	1.1
Total kitchen free roaming	21	5.6
Non response	128	/
Total	500	100

Table 3: Livestock inventory of cavykeepers in the Western Highlands of Cameroon

Livestock species	Head Count (indigenous breed)	Head Count (Exotic breed)
Domesic cavy (Cavia porcellus)	4,379	88
Cattle (*Bos taurus*, *Bos indicus*)	113	17
Goat (*Capra hircus*)	448	3
Sheep (*Ovis aries*)	43	63
Chicken (Gallus domesticus)	1,755	2,729
Other poultry species (duck, goose…)	221	-
Rabbit (Orytolagus cunniculus)	562	-
Donkey/Horse (Equus asinus/Equus caballus)	2	-
Pig (Sus scrofa)	375	-
Bee (Apis mellifera) -Hives	323	-
Aquaculture (Ponds)	2	-
Others (Dogs, cats, etc.)	426	-

Segregation primarity index at agouti locus (sPI):

The sPI values vary from 0.77 to 1 in our study (table 2). This result shows that a goat population in the region is belonging to the non standardized group of goat. Goat genetic variability is affected by locations in our context.

Biometric primarity indices:

As shown in table 3, body measurements in goats are variable in the research area. The mean value of height at withers is 47 cm. Globally, the goat type in the region surveyed is of dwarf type or brevipes though the gracility index demonstrates variability at maturity. In Mifi division, gracility index tends to 1, means

a significant higher proportion of legs length compared to goats from other divisions. Auricular index presents a least variation. The observations show a slow change and evolution in ear measurements compared to chest development.

Discussion :

Our findings concerning primarity indices (aPI and sPI) do not deviate significantly from observations made by Lauvergne et al, (1993) and Ngo Tama et al, (1996) in the northern regions of Cameroon. In Algeria (Khemeci et al, 1996), similar results were obtained in goat population in random mating systems. Color variability in goats tends to increase, particularly in uncontrolled mating systems (Sponenberg, 1995). In some tropical community, colors have value for indigenous breeding schemes (Ozoje, 1998, 2002). Bourzat (1985), Bouchel and Lauvergne (1996) reported the variegation in African dwarf/small goats and attached it to the gene flow and dissemination models. Human communities throughout the world value extensively visible variation for different reasons, and thus will try as much as possible to maintain it for social interactions (Manjeli et al, 1996; Verrier et al, 2005). The maintenance of genetic variability within communities could not be done effectively without taking into consideration the people values (FAO, 2004). Biometric indices have been used extensively for breeding usages (Ayoade, 1981) and more recently for genetic appraisal. Bourzat et al, (1993) reported higher Gracility and Auricular indices in the northern Cameroon and southern Chad regions, where majority of goats populations are said to be longlegged with longer ears. The variations we obtained in our study may suggest a tendency of either selection or admixture for body conformation with sahelian genetic types made possible and feasible because of huge germplasm transfert from North to South Cameroon. Animal genetic resources valorization goes alongside with progressive transformation (Audiot et al, 2005).

Conclusion:

Cameroon west highlands goats population is belonging to non standardized or traditional group, thus constituting an interesting genetic pool for further selection. Despite the predominance of dwarfism, it appears in our study that biometric indices show a more accurate variability. Genomic and phylogeographic investigations are needed to explore more this goat population and with all Cameroon goat resources for conservation and better utilization goals.

References :

Ademosun AA, 1994. Constraints and prospects for small ruminant research and development in Africa. Proceedings of the Second Biennial Conference of the African Small Ruminant Research Network; AICC, Arusha, Tanzania; 7-11 December 1992 Edited by: S.H.B. Lebbie; B. Rey; E.K. Irungu.

Audiot A, Bouche R, Brives H, Casabianca F, Gaillard C, Roche B, Trift N, Steyeart P, 2005. Populations animales et produits locaux: comment valoriser transforme? Les Actes du BRG, 5, 577-592.

Ayissi-Mbala JP, 1992. Short-run demand for goat meat in Cameroon. Proceedings of the First Biennial Conference of the African Small Ruminant Research Network, ILRAD, Nairobi, Kenya, 10-14 December 1990. Edited by Rey; S.H.B. Lebbie; L. Reynolds.

Ayoade JA, 1981. Body measurements and weights of malawian local goats. Trop Anim Prod 6,4: 355

Bouchel D, Lauvergne JJ, 1996. Le peuplement de l'Afrique par la chèvre domestique. Revue Elev. Méd. vét. Pays trop., 49 (1): 80-90.

Bourzat D, 1985. La chèvre naine d'Afrique Occidentale : Monographie. Document du Groupe N° SRC 4. ILCA/Small Ruminant and Camel Group, Addis Ababa, 68 p.

Bourzat D, Souvenir-Zafindrajaona P, Lauvergne JJ, Zeuh V, 1993. Comparaison morpho-biométrique de chèvres au Nord Cameroun et au Tchad. Revue Elev. Méd. vét. Pays trop., 46 (4): 667-674.

Boutrais J, 1995. Hautes terres d'élevage au Cameroun. Volume 1. ORSTOM Editions. Collection ETUDES et THESES. Paris, 678p.

Danchin-Burge C, 2003. La couleur chez les caprins. Institut de l'Elevage, Paris, 9p. http://www.inst-elevage.asso.fr/html1/IMG/pdf/Bilan_couleur.pdf

Devendra C, 2001. Small ruminants: imperatives for productivity enhancement improved livelihoods and rural growth – A review. Asian-Australian Journal of Animal Sciences vol. 14, 10, 1483-1496.

FAO, 2004. Measurement of domestic animal diversity - a review of recent diversity studies. Working group on animal genetic resources for food and Agriculture. Third Session, Rome, 31 March – 2 April 2004. 38p.

Hodges J, 1999. Animals and values in society. Livestock Research for Rural Development, (11) 3, 1999. http://www.cipav.org.co/lrrd/lrrd11/3/hod113.htm

Khemici E, Mamou M, Lounis A, Bounihi D, Ouachem D, Merad T, Boukhetala K, 1996. Etude des ressources génétiques caprines du nord à l'aide des indices de primarité. Animal genetic resources information, N°17: 61-71.

Lauvergne JJ, Bourzat D, Souvenir-Zafindrajaona P, Zeuh V, Ngo Tama AC, 1993. Indices de primarité de chèvres au Nord Cameroun et au Tchad. Revue Elev. Méd. vét. Pays trop., 46 (4): 651-665

Manjeli Y, Tchoumboué J, Téguia A, Zango P, 1996. Productivity of West African Dwarf Goats under traditionnal management in the western Highlands of Cameroon. World Review of Animal Production, Vol. 31, N°1-2, 88-92.

Matika O, Sibanda R, Beffa ML, 1992. Eruption of permanent incisors in indigenous goats and sheep. Proceedings of the First Biennial Conference of the African Small Ruminant Research Network, ILRAD, Nairobi, Kenya, 10-14 December 1990. Edited by Rey; S.H.B. Lebbie; L. Reynolds.

Mubvumi P, 1993. The place for small ruminants (goats and sheep) in food and nutrition production programmes. In Proceedings of a Workshop held at Matopos Research Station 19-20 August, 1993, 48-54.

Ngo Tama AC, Bourzat D, Souvenir-Zafindrajaona P, Lauvergene JJ, 1996. Caractérisation génétique des caprins du Nord-Cameroun. In Proceedings of the Third Biennial Conference of the African Small Ruminant Research Network UICC, Kampala, Uganda, 5-9 December 1994; pp: 55-62.

Ozoje MO, 1998. Coat colour genes in West African dwarf sheep and goats: a theoretical appraisal. Review. Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production Armidale, Australia. 26:53-56. http://www.cagba.org/genetics_goat_clr_20041.pdf

Ozoje MO, 2002. Incidence and relative effects of qualitative traits in the west African dwarf goat. Small Ruminant Research, 43: 97-100.

Sponenberg Ph, 1995. Color Genetics, Color Patterns and the Pygmy Goat. http://kinne.net/articles.htm

Tchouamo IR, Tchoumboué J, Thibault L, 2005. Caractéristiques socio-économiques et techniques de l'élevage de petits ruminants dans la province de l'Ouest Cameroun. Tropicultura 23 (4) : 201-211.

Verrier E, Tixier-Boichard M, Bernigaud R, Naves M, 2005. Conservation and value of local livestock breeds: usefulness of niche products and/or adaptation to specific environments. Animal Genetic Resource Information N° 36: 21-31.

CONTRIBUTION DU CODE BARRE D'ADN À L'IDENTIFICATION DE LA VIANDE DE BROUSSE DANS LES MARCHES DU CAMEROUN

Miantsa F O[1], Meutchieye F[1], Tsi E A[2], Skilton R[3], Djikeng A[3], Njahira M[3] et Muthui E[3]
[1]Université de Dschang, B.P: 222 Dschang-Cameroun
[2]Université de Bamenda, B.P: 370 Bamenda- Cameroun
[3]Biosciences eastern and central Africa Hub ILRI, Kenya P.O.BOX: 30709. Nairobi 00100, Kenya

Résumé

La viande de brousse fait partir intégrante des modes alimentaires et d'approvisionnement des ménages urbains au Cameroun. Le contrôle des origines des carcasses reste encore faible. L'objectif était d'identifier les espèces exploitées comme viande de brousse dans des marchés urbains du Cameroun. L'étude a été effectuée de Juin à Juillet 2013 pour la collecte des échantillons de viande de brousse d'une part dans 5 sites de commercialisation, et, d'autre part d'Octobre à Décembre 2013 pour l'analyse moléculaire sur la base d'une séquence du cytochrome de l'ADNmt et de la comparaison sur BLAST. Les résultats obtenus confirment l'exploitation des espèces Cephalophus dorsalis, Cephalophus callipygus, Cercopithecus erythrotis camerunensis, Cercopithecus erythrotis erythrotis, Cricetomys emini, Heliosciurus gambianus, Manis tetradactyla, Orycteropus afer, Python sebea comme viande de brousse avec des correspondances nucléotidiques de plus de 80%. L'apparition du Saiga tatarica originaire d'Asie dans nos résultats soulève des questionnements. La technique du code barre ADN ne saurait se substituer à la taxonomie traditionnelle mais, compléter plutôt cette dernière. Il s'agit d'un outil efficace pour la gestion de la faune sauvage avec la description de nouvelles espèces ou bien de clarification d'espèces connues. Ainsi, les techniques de biologie moléculaire pourraient être utilisées à grand échelle afin de revoir la classification existante dans le Bassin du Congo en général et pourquoi pas au Cameroun en particulier.

Mots clés : Code barre ADN, Séquençage, Biodiversité, Faune sauvage

DNA BARCODE CONTRIBUTION TO IDENTIFICATION OF BUSHMEAT IN CAMEROON'S MARKETS

Abstract

Bush meat is an integral part of nutritional and supply patterns in urban households in Cameroon. Verification of carcass origin still remains low. The purpose of this study was to identify species used as bush meat in Cameroon's markets. The study was conducted from June-July 2013 in order to collect bush meat samples from 5 marketing sites on the one hand, and carry out a molecular analysis based on mtDNA cytochrome sequence and comparison on BLAST from October - December 2013 on the other hand. The results confirm the use of Cephalophus dorsalis, Cephalophus callipygus, Cercopithecus erythrotis camerunensis, Cercopithecus erythrotis erythrotis, Cricetomys emini, Heliosciurus gambianus, Manis tetradactyla, Orycteropus afer, Python sebea species as bushmeat, with nucleotide matches over 80%. The discovery of Saiga tatarica from Asia in our results raises questions. The DNA bar code technique does not replace the traditional classification, but it rather completes the latter. This is an effective tool for wildlife management, with description of new species or clarification of well known species. Therefore, molecular biology techniques could be used widely to review existing classification in the Congo Basin in general and (why not) in Cameroon in particular.

Keywords: DNA barcode, sequencing, biodiversity, wildlife

*Auteur correspondant email: fokamolivier@yahoo.fr; miantsiaolivier@gmail.com

Introduction :

La chasse d'espèces d'animaux sauvages dans les régions tropicales humides a été pendant longtemps la principale source de protéines animales pour les communautés et de revenus considérables dans le commerce local (Nsangou et al, 2004; Wayne et al, 2009; Nougoue, 2012). Les animaux sauvages fournissent une partie très importante des protéines consommées par les populations de la plupart des sous régions africaines (Fargeot, 2004; Refisch et Kon, 2005). La viande de brousse représente 80% de l'apport en protéines dans les communautés rurales des pays en développement (Van Vliet, 2011). Entre 30% à 90 % des prises approvisionnent les marchés urbains en Afrique centrale (Coad, 2007), ce qui contribue aux économies locales. Par exemple, au Cameroun, le chiffre d'affaires des ventes de gibier en zone rurale s'établit autour de 16,1 milliards F CFA. Ce chiffre d'affaires de la vente du gibier dans les villes s'élève à environ 19,7 milliards F CFA par an. Le chiffre d'affaires global tiré de la chasse villageoise est estimé autour de 37 milliards F CFA par an. Et le bénéfice financier net de la chasse pratiquée en zone rurale se situe autour de 1,38 milliards F CFA par an, alors qu'on peut estimer les bénéfices nets de la vente de gibier en ville autour de 5 milliards de F CFA par an. De même, les bénéfices nets de la vente de gibier sur les marchés étrangers s'élèvent à environ 160 millions de F CFA par an. La valeur ajoutée de la filière de chasse traditionnelle est estimée à 16,5 milliards de F CFA par an. En fait, on estime que le bénéfice économique brut annuel tiré de l'autoconsommation de gibier avoisine les 80 milliards F CFA, et le bénéfice économique net total de la chasse pratiquée en zone rurale les 38 milliards F CFA par an (Eba'a Atyi et al, 2013). Cependant, d'énormes difficultés se présentent lorsqu'il s'agit de l'identification des viandes de brousse vendues dans les marchés, aussi bien pour des exercices de contrôle légal que du monitoring des mécanismes de conservation. Les analyses morphologique et morphométrique qui prévalent dans les services de surveillance sont des méthodes d'identification limitées de la faune sauvage (Straeten et al, 2003 ; Maminirina et al, 2008). L'identification des espèces de viande de brousse dans les marchés est traditionnellement basée sur les informations données par la population locale. S'appuyer sur l'identification de la population ne pourrait pas donner des informations précises sur le commerce de la viande de brousse qui s'avère assez complexe. L'identité des espèces d'échantillons de viande pourrait être soumise aux erreurs qui surgissent dans la chaine de vente. La fiabilité des informations données par les acheteurs peut aussi être affectée par la préférence du consommateur (Bitanyi, 2012). Ces différentes méthodes s'avèrent incomplètes et nécessitent l'intervention des nouvelles méthodes telles les techniques de biologie moléculaire (Blaxter, 2004 ; Nicolas et al, 2005 ; Gomez et al, 2007). Parmi les outils actuellement disponibles, le code barre ADN est l'analyse de la diversité des séquences dans une région de gène standardisée (Steinke et al, 2009; Johnston et al, 2011 ; Armenise et al, 2012). Il consiste en l'utilisation d'une courte séquence d'ADN pour identifier les individus au niveau spécifique (Okassa, 2010 ; ZhaoQing et al, 2012) car chaque espèce présente ses propres attributs morphologiques permettant de le diagnostiquer (Okassa, 2010). La région 648pb du cytochrome oxydase I (COI) du gène forme la séquence du code barre primaire des membres du règne animal (Ratnasingham et Hebertp, 2007; Elias et al, 2007), qui, est amplifiée avec des amorces universelles sans aucune information à priori et puis séquencées (Jun et al, 2011). Le code barre ADN des animaux apparait comme l'un des principaux moyens de quantifier la biodiversité global, il a le potentiel de relier le monde à la biodiversité sauvage comme outil d'identification (Blaxter et al, 2005). L'identification moléculaire a été proposée comme une méthode convenable pour l'identification des carcasses au niveau des espèces (Eaton et al, 2010).Dans le contexte du Cameroun, l'objectif de notre travail était de déterminer les meilleurs niveaux d'identité des séquences des gènes qui codent pour le cytochrome C oxydase des animaux sauvages

vendus dans les marchés du Cameroun afin de contribuer aux dispositions de leur utilisation plus judicieuse.

Matériels et Méthodes :

Collecte d'échantillons

Un total de 215 échantillons de viande de brousse a été collecté dans des marchés urbains du Cameroun (figure 1). La collecte a été faite au hasard dans des sites repartis dans trois zones agro-écologiques du Cameroun à savoir : la zone de hautes terre de l'Ouest (Oku, Balessing, Santchou); zones de forêts denses humides (Yaoundé, Bertoua, Belabo, Ebolowa); zone littorale (Douala, Yabassi). Les échantillons ont été repartis entre 22 familles pour 34 espèces. Ils étaient soient boucanés, soient fraiches, soient cuites, soient séchés. Les ont été conservés dans de l'alcool à 70% à température ambiante. Ils étaient constitués de muscles, de peaux, de poils, d'ongle, de carapaces, de corne et d'écailles. Pour l'identification de ces espèces, nous avons obtenu des séquences COI des viandes de brousse collectées dans les marchés.

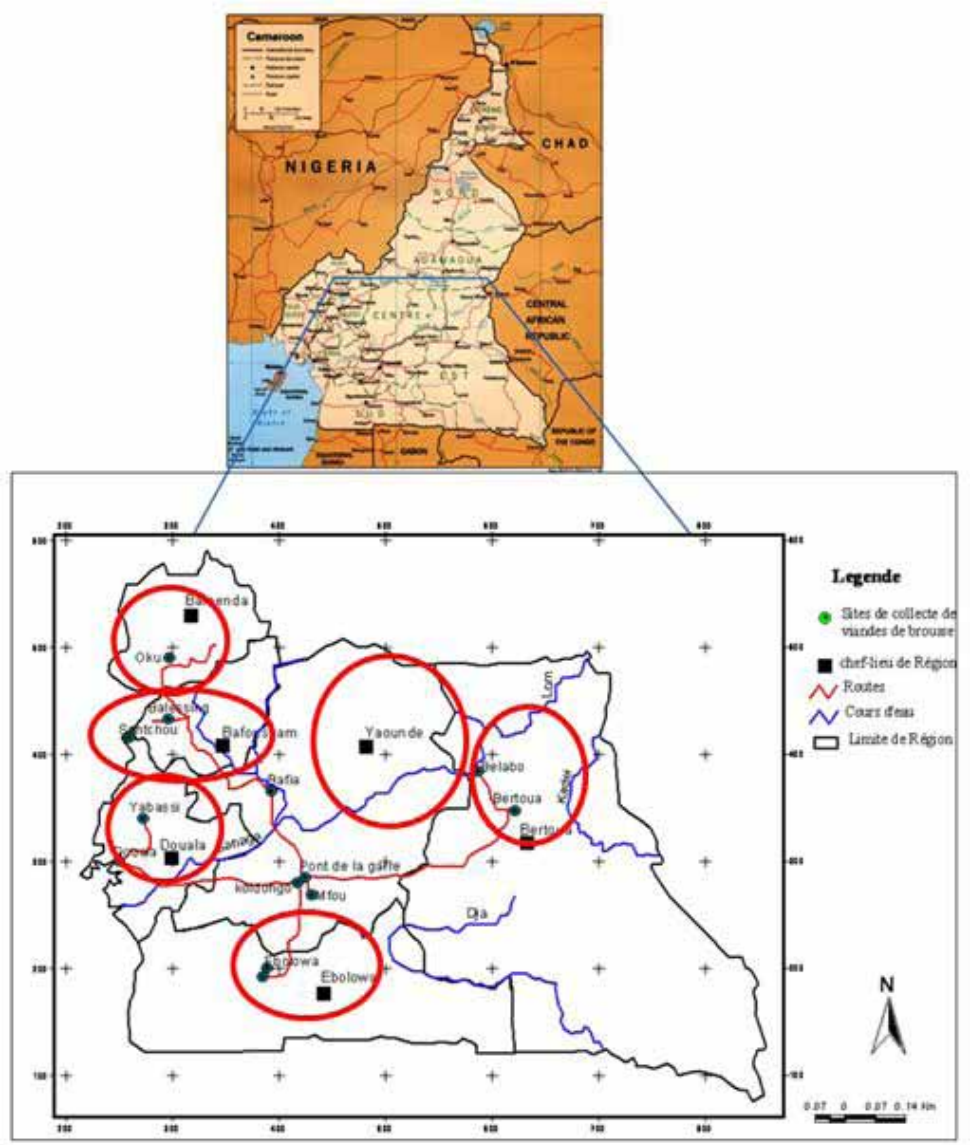


Figure 1 : Carte du Cameroun montrant les sites de collecte de viande de brousse

Extraction, amplification et séquençage de l'ADN:
L'extraction de l'ADN et l'amplification par PCR ont été effectuées selon le protocole proposé par Invitrogen (Invitrogen, 2008). L'amplification d'un segment de 648pb du gène, le cytochrome c oxydase I (COI) a été fait en utilisant les amorces avant : VF1d_t1 TCTCAACCAACCACAARGAYATYGG
et reverse:VR1d_t1
TAGACTTCTGGGTGGCCRAARAAYCA
(Ivanova et al, 2006 ; Skilton et al, 2013). Les réactions PCR ont été portées à une réaction finale de 20 µl. La PCR était paramétrée comme suit : 3 min à 95°C pour la dénaturation initiale à 1 cycle ; suivie de 35 cycles de 30 secondes à 94°C, 45 secondes à 45°C et 1 min à 72°C ; finie avec 7 min à 72°C pour 1 cycle. Les produits de la PCR ont été purifiés en utilisant le protocole de Qiagen (QIAGEN, 2008) et séquencés sur ABI 3100.

Analyse des données :
L'analyse des données a été faite à l'aide du logiciel CLC MainWorkbench version 6.9.1 pour l'assemblage des séquences. Le programme BLAST (Krauthammer et al, 2000) a été utilisé les assemblages et l'identification des régions de similarités entre les espèces. Cette comparaison est basée sur les pourcentages des identités des séquences issues des espèces et donc les pourcentages supérieurs ou égaux à 70% confirment l'identification de l'espèce (Bitanyi et al, 2012).

Résultats :

Les assemblages ont permis d'atteindre des seuils de sécurité au delà de 75% pour l'ensemble des sequences soumises sous BLAST. Selon les principaux résultats de notre travail (tableau 1), en comparant les noms donnés par le code barre et ceux donnés par les informateurs du marché on constate que seulement 25% des noms coïncident avec la réalité de l'espèce. Il apparait en fin de compte une énorme confusion dans les identités affichées ou communiquées. Ainsi, les séquences 13, 16 et 19 ne correspondent pas en fin d'analyses aux noms des espèces courants pour les consommateurs. Il pourrait s'agir des effets de manipulation commerciale suivant les préférences. Nous a paru aussi surprenant d'observer sur plusieurs sequences identiques la présence de l'espèce Saiga tatarica dans notre échantillon.

Tableau 1 : Noms des espèces donnés par l'analyse du code barre et le marché respectivement

Séquences	Longueur du fragment (paire de base)	Identité (%)	Espèce selon le code barre ADN	Noms communs sur les marchés
13	669	99%	*Heliosciurus gambianus*	Rat
14	660	92%	*Cricetomys emini*	Rat
15	653	95%	*Python sebae sebae*	Boa
16	660	99%	*Orycteropus afer*	Inconnue
17	660	92%	*Cricetomys emini*	Rat
18	677	84%	*Saiga tatarica*	Antilope
19	655	92%	*Cephalophus dorsalis*	Inconnue
20	663	99%	*Cephalophus callipygus*	Lièvre
21	661	99%	*Cephalophus callipygus*	Lièvre
22	655	99%	*Manis tetradactyla*	Pangolin
23	575	86%	*Cercopithecus erythrotis erythrotis*	Singe
24	688	99%	*Cercopithecus erythrotis camerunensis*	Singe

Discussions :

Les sous unités mitochodriennes obtenues ont permis des alignements des séquences de manière fiable. Les alignements donnent le degré de similarité (Posada, 2009) permettant la comparaison des espèces (Lobo, 2008). Ce sont ses sous unités mitochondriennes qui conduisent à l'identification des espèces au niveau moléculaire (De Woody, 2005 ; Latch et al, 2006). L'identification moléculaire et la taxonomie traditionnelle sont complémentaires (Kipling et al, 2005 ; Vincent, 2005 ; Herbert et Gregory, 2005 ; Hickerson *et al.,* 2006). La technique du code barre est une opportunité de recherche qui permet de clarifier les espèces ou bien d'en découvrir de nouvelles. C'est ce cadre que nous analysons l'exemple de la séquence montrant l'espèce Saiga tatarica qui en fait est une espèce de la zone eurasiatique. Cette découverte pourrait relancer des études sur le modèle de peuplement et de diffusion des antilopes contemporaines en Asie et en Afrique.

Conclusion :

Les techniques de biologie moléculaire sont un outil d'identification des espèces fauniques. Elles sont basées sur le code barre ADN de chaque espèce et peut donc contribuer à la traçabilité des espèces à travers leurs restes (viande de brousse, peau, œuf, poils, plumes et empruntes). La valorisation de ces techniques peut aider à l'amélioration des techniques de gestion existante.

Remerciements :

Ce travail a été rendu possible avec le soutien de African Biosciences Challenge Fund (CSIRO-ILRI-BecA Hub) et tout le staff technique du BecA Hub au cours de l'annee 2014.

Bibliographie :

Armenise L, Simeone MC, Piredda R & Schirone B, 2012. Validation of DNA barcoding as an efficient tool for taxon identification and detection of species diversity in Italian conifers. European Journal of Forest Research 131 (5): 1337 – 1353.

Bioneer, 2012. AccuPower ® TLA PCR PreMix. Blazing the Biotechnology Trail, Rev. 0: 2p.

Bitanyi S, Bjornstad G, Nesje M, Eblate ME, Mdegela HR & Roed HK, 2012. Molecular identification versus local people's information for accurate estimates of bushleat utilization from the Serengeti ecosystem, Tanzania. African Journal of Biotechnology 11(1): 243-252.

Blaxter M, Mann J, Chapman T, Thomas F, Whitton C, Floyd R & Abebe E, 2005. Defining operational taxonomic units using DNA barcode data. Phil. Trans. R. Soc. B 360 : 1935 – 1943.

Blaxter ML, 2004. The promise of a DNA taxonomy. Phil. Trans. R. Soc. Lond. B, 359: 669–679

Coad L, 2007. Le commerce de la viande de brousse en Afrique. Lettre d'information sur le commerce de la faune et de la flore sauvage. Info TRAFFIC 8: 1 – 12.

De Woody JA, 2005. Molecular approaches to the study of parentage, relatedness, and fitness: practical applications for wild animals. Journal of Wildlife Management 69(4):1400- 1418.

Eaton JM, Meyers LG, Sergios-Orestis K, Leslie SM, Martin PA & Amato G, 2010. Barcoding bushmeat: molecular identification of Central African and South American harvested vertebrates. Conserv. Genet. 11:1389–1404.

Eba'a Atyi R, Lescuyer G, Poufoun NJ & Fouda MT, 2013. Etude de l'importance économique et sociale du secteur forestier et faunique au Cameroun. Rapport final CIFOR, 278p.

Elias M, Hill RI, Willmott KR, Dasmahapatra KK, Brower AVZ, Mallet J & Jiggins CD, 2007. Limited performance of DNA barcoding in a diverse community of tropical butterflies. Proc. R. Soc. B 274: 2881–2889.

Fargeot C, 2004. La chasse commerciale en Afrique centrale, la venaison ou le négoce d'un produit vivrier. Dossier 27, usages forestier/chasse commerciale. Bois et Forêts des Tropiques 282 (4)

: 27 – 40.

Gomez A, Wright PJ, Lunt HD, Cancino MJ, Carvalho RG & Hughes NR, 2006. Mating trials validate the use of DNA barcoding to reveal cryptic speciation of a marine bryozoans taxon. Proc. R. soc. B 274: 199 – 207.

Herbert DNP & Gregory RT, 2005. The promise of DNA barcoding for taxonomy. Syst. Biol. 54(5): 852 – 859.

Hickerson JM, Meyer PC & Moritz C, 2006. DNA barcoding will often fail to discover new animal species over broad parameter space. Syst. Biol.55 (5) : 729 – 739.

Ivanova N, Dewaard RJ & Herbert DP, 2006. An inexpensive, automation-friendly protocol for recovering high-quality DNA. Molecular Ecology Notes : 1471-8286.

Johnston RA, Morikawa KM, Ntie S & Anthony MN, 2011. Evaluating DNA barcoding criteria using African duiker antelope (Cephalophinae) as a test case. Conserv. Genet. 12: 1173–1182.

Kingdon J, 2004. African mammals. The kingdon pocket guide, 272p.

Kipling WW, Brent DM & Quentin DW., 2005. The perils of DNA barcoding and for integrative taxonomy. Syst. Biol. 54(5): 844 – 851.

Krauthammer M, Rzhetsky A, Morozov P & Friedman C, 2000. Using BLAST for identifying gene and protein names. Gene 259: 245 - 252.

Latch KE, Harveson AL, King SJ, Hobson M & Rhodes EO, 2006. Assessing hybridization in wildlife populations using molecular markers: a case study in wild Turkeys. Journal of Wildlife Management 70(2):485- 492.

Lobo I, 2008. Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). Nature Education 1(1):215.

Maminirina CP, Goodman SM & Raxworthy CJ, 2008. Les micro-mammifères (Mammalia, Rodentia, Afrosoricida et Soricomorpha) du massif du Tsaratanana et biogéographie des forêts de montagne de Madagascar. Zoosystema 30 (3) : 695-721.

Nioclas V, Verheyen E, Verheyen W, Hulselmans J, Dillen M, Akpatou B, Dudu A, Wendelen W & Colyn M, 2005. Systematics of african lowland rainforest Praomys (Rodentia, Muridae) based on molecular and craniometrical data. Zoological Journal of the Linnean Society 145: 539 – 553.

Nougoue A, 2012. DNA Barcoding as a Tool for the Identification of Illegally Traded Wildlife Products. Concordia University Montreal, Quebec, Canada. Thesis of Master of Science (biology), 31p.

Nsangou N, Huart PL & Marielle Puit A, 2004. Dynamique de la filière viande de brousse dans la partie continentale du Rio Muni en Guinée équatoriale. Tropicultura 22 (4) : 204-210.

Okassa OM, 2010. Congruence entre différenciation morphologique et moléculaire (bar code moléculaire) pour sept espèces de la famille des Phytoseiidae (Acari : Mesostigmata). Montpellier SupAgro. Discipline: Évolution, Écologie, Ressources génétiques, Paléontologie. Thèse de doctorat, 245p.

Posada D, 2009. Bioinformatics for DNA Sequence Analysis, Methods in Molecular Biology 537. Humana Press, a part of Springer Science + Business Media, 354p.

QIAGEN, 2008. QIAquick PCR Purification Kit For purification of PCR products, 100bp to 10kb. QIAquick® Spin Handbook, 37p.

Ratnasingham S, & Hebertp DN, 2007. Barcoding. BOLD :The Barcode of Life Data System. Molecular Ecology Notes 7: 355–364

Refisch J, & Kon I, 2005. Market Hunting in the Tai Region, Cote d'Ivoire and Implications for Monkey Populations. International Journal of Primatology 26(3): 621 – 629.

Skilton R, Kyalo M, Njahira M, Wanjala B, Stomeo F & Maina S, 2013. Introduction to molecular biology and bioinformatics workshop. Laboratory Manual, 96p.

Steinke D, Zemlak TS & Herbert DNP, 2009. Barcoding Nemo: DNA-Based Identifications for the Ornamental Fish Trade. Plos One 4(7): 1 - 5.

Straiten VE, Lecompte E & Denys C, 2003. Praomys petteri : une nouvelle espèce de Muridae africain

(Mammalia, Rodentia). Bonn. Zool. Beitr 50 (4): 329 – 345.

Van Vliet N, 2011. Secretariat of the Convention on Biological Diversity Livelihood alternatives for the unsustainable use of bushmeat. Report prepared for the CBD Bushmeat Liaison Group. Technical Series 60, 46 p.

Vincent SS, 2005. DNA barcoding: perspectives from a "Partnerships for Enhancing Expertise in Taxonomy" debate. Syst. Biol. 54(5): 541 – 544.

Wayne M, Gail H & Andrew JB, 2009. The market for bushmeat: Colobus satanas on Bioko Island. Ecological Economics, 8p.

ZhaoQing Z, Peng Z, Jing L, Ying WZ & Zhihe Y, 2012. Selection of a DNA barcode for Nectriaceae from fungal whole-genomes. Science China 55 (1): 80 – 88.

MODELING GROWTH PERFORMANCES, SURVIVAL, AND FEED EFFICIENCY OF FOUR LOCAL CHICKENS GENETIC TYPES FROM CAMEROON

*Keambou T C[1], Hako Touko B A[2], Mignon-Grasteau S[3], Manjeli Y[2]
[1]University of Buea, P.O. Box 63, Buea – Cameroon
[2]Catholic University Institute of Buea (CUIB), P.O Box 563 Buea, Cameroon
[3]UR083 Recherches Avicoles, INRA, 37380 Nouzilly-France
[4]University of Dschang, P.O. Box 222, Dschang - Cameroun

Abstract

Survival, feed efficiency and growth performances of four local breeds of chickens in West Cameroon (normally feathered NF, feathered tarsus FT, crested C and naked neck NN,) have been compared from hatch to 16 weeks, to determine which one could be improved by selection. Gompertz equation was used to fit growth curve of the four breeds. The normally feathered genotype was the more rustic, with a survival rate of 85.1%, i.e. 12 to 39% better than the other 3 breeds. The feathered tarsus type showed more rapid growth than NF, NN, and C genotypes. The FT hens had the highest weight gain at beginning (17.1 g.d-1), whereas the maximum gain at 16 weeks is observed in NN hens (26.1 g.d-1). Sexual dimorphism continuously increased between 0 and 16 weeks. Feed conversion ratio was significantly affected by sex, but neither by breed or breed by sex interaction. Evolution of growth rate with age was similar in the four groups, but significant differences of growth curve parameters were found among breeds and/or sexes. Estimated hatch weight was lower in C hens and higher in FT hens. Initial specific growth rates and asymptotic body weight were higher in males for all breeds. Age at maximum growth rate was lower for females. Finally, the maturation rate varied both with breed and sex. Taking into account survival, growth, and feed efficiency performances of the four breeds, the NF breed seems to be the most appropriate candidate to be used for meat production in Cameroon.

Keywords: growth, modelling, local breed, chicken, Cameroon

MODÉLISATION DES PERFORMANCES DE CROISSANCE, DE SURVIE, ET D'EFFICACITÉ ALIMENTAIRE DE QUATRE TYPES GÉNÉTIQUES DE POULETS LOCAUX DU CAMEROUN

Résumé

Les performances de survie, d'efficacité alimentaire et de croissance de quatre races locales de poulets de l'Ouest du Cameroun (poulets à emplument normal EN, poulets à tarses emplumés TE, poulets crêtés C et poulets au cou nu CN,) ont été comparées depuis l'éclosion jusqu'à 16 semaines, afin de déterminer la race qui pourrait être améliorée par sélection. L'équation de Gompertz a été utilisée pour établir la courbe de croissance des quatre races. Le génotype EN était le plus rustique, avec un taux de survie de 85,1%, i.e. 12 à 39% meilleur que les 3 autres races. Le type TE a montré une croissance plus rapide que les génotypes EN, CN, et C. Les poules TE ont montré le gain pondéral le plus élevé au début (17,1 g.d-1), tandis que le gain maximum à 16 semaines a été observé chez les poules CN (26,1 g. d-1). Le dimorphisme sexuel a augmenté continuellement entre 0 et 16 semaines. L'indice de conversion alimentaire a été significativement affecté par le sexe, mais il n'a été affecté ni par la race ou la race par interaction entre sexes. L'évolution du taux de croissance avec l'âge était similaire dans les quatre groupes ; mais des différences significatives au niveau des paramètres de la courbe de croissance ont été notées parmi les races et / ou entre les sexes. Le poids estimé à l'éclosion était plus faible chez les poules C et plus élevé chez les poules TE. Le taux de croissance spécifique initial et le poids corporel asymptotique étaient plus élevés chez les mâles dans toutes les races. L'âge au taux de croissance maximal était plus bas pour les

*Corresponding author email: christike2002@yahoo.fr / keambou.tiambo@ubuea.cm

femelles. Enfin, le taux de maturation variait à la fois en fonction de la race et du sexe. Compte tenu des performances de survie, de croissance et d'efficacité alimentaire des quatre races, la race EN semble être le candidat le plus approprié à utiliser pour la production de viande au Cameroun.

Mots-clés : croissance, modélisation, race locale, poulet, Cameroun

Introduction

Many studies have been performed to describe slow or rapid growing chicken lines used in Europe or America. However, in Africa, traditional breeds having a lower growth rate but well adapted to harsh conditions and better adapted to demand of consumers are coexisting along with industrial breeds. For example, in the Western highlands of Cameroon, four main local breeds have been listed (Keambou *et al.,* 2007). They are described by their feathering: normally feathered (NF), with feathered tarsus (FT), crested (C), and naked neck (NN, cf. Figure 1). They are also found in all agro-ecological zones of Cameroon. In Cameroon, the normal age at which local chicken are sold for meat is not standardized, but depend mostly on the weight of the bird. Choosing one or more of these lines and improving them by selection would allow taking profit of the adaptation of these lines to difficult conditions of production systems. However, it is necessary to have a better knowledge of their genetic make-up and potential performance, especially for the major traits influencing the economic profitability, namely survival, growth and feed efficiency.

In harsh conditions, growth of birds can be subjected to strong variations with age, which makes difficult the use of body weight at a given age as selection criterion. Using mathematical function to fit growth curves allows to summarize information with a few parameters and strategic points (Hyankova *et al.,* 1997) and to describe evolution of weight with age, with attenuate effect of punctuated negative factors, such as the transitory outbreaks of a pathogen (Mignon- Grasteau & Beaumont, 2000). Various sigmoid functions have been used to fit growth curves of birds, most of them deriving from the Richards family of curves, which describe growth curve by 4 parameters. In the Gompertz function, the weight at inflexion is fixed at 37% of asymptotic body weight, which allows reducing the number of descriptive parameters to 3. This later form is the most adapted to chicken, for which inflexion really occurs at 37% of asymptote (Anthony *et al.,* 1991; Mignon-Grasteau & Beaumont, 2000).

The aim of our study was therefore to contribute to a better knowledge of the survival, growth and feed efficiency of the local breeds in Cameroon, in order to determine which one should be preferred for a genetic improvement program.

Materials and methods

The study was carried out in the western highlands of Cameroon (LN 5 20 - 7 00 and LE 10 03 – 12 00). The altitude of the area is 1400m, the ambient temperature varies from 16 to 35 and the humidity from 40 to 100%. A total of 64 hens and 8 roosters of four local breeds (normally feathered (NF), and naked neck (NN), feathered tarsus (FT) and crested (C)) have been bought from households or markets in the western highlands the region of Cameroon. These parental breeders have been placed in quarantine for two weeks and thereafter kept in identical rooms, with wood shavings litter. One pen was allotted for each breed, each one thus including 2 males and 16 females. Birds in all pens received the same diet and prophylactic program. They produced a total of 905 eggs in three laying cycles, which were collected and artificially incubated, leading to a total of 624 chicks in three successive hatches the number if chicks at the beginning of the experiment where 155, 158, 139 and 172 respectively for NF, FT, Cr and NN.

At hatch, chicks were weighed and placed in rearing rooms, on deep wood shavings litter. During the whole study, i.e. from 0 to 16 weeks, birds had ad libitum access to feed

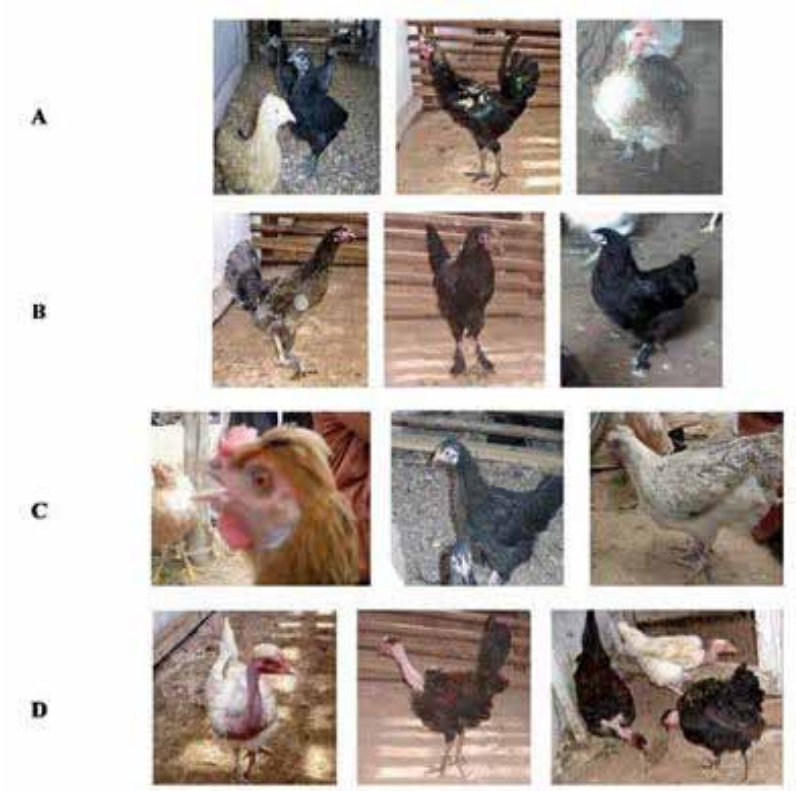


Figure 1: Variability of phenotypes of normally feathered (A), feathered tarsus (B), crested (C), and naked neck (D) chickens of Western highlands of Cameroon

and water. The diets composition and nutritive values are presented in table 1.

For each breed, a sample of 72 males and 72 females was weighed every week. Mortality was recorded daily. The mean feed consumption per bird for particular duration was estimated as follows:

Where FCt is the quantity of feed consumed during the week period, Qi the initial quantity of feed offered to the group at the beginning of the period, Qf the quantity of feed not consumed by birds at the end of period t, and NC the number of chicks present in the group during the period t.

$$FC_t = \frac{Q_i - Q_f}{NC} \times 7$$

The feed conversion ratio was then calculated as the ratio of weight gain to FC during a given period.

$$GR_t = 100 \times \frac{BW_t - BW_{t-1}}{\left[\frac{BW_t + BW_{t-1}}{2}\right]}$$

As a first step, the growth rates at a given period (GRt) were calculated with the formula of Sanfo et al. (2008):

Where BWt is the body weight at age t.

The Gompertz equation was used to fit growth curve to our data, as in Laird (1966):

Where BWt is body weight at age t, BW0c the estimated body weight at hatch, L the initial specific growth rate (i.e., (1/BWt) × (dBWt/dt), and K the maturation factor describing the rate of decrease of growth rate after the point of inflexion.

Growth curve parameters were estimated by non-linear regression, using the

$$BW_t = BW_{0c} \times e^{\left(\frac{L}{K} \times \left(1 - e^{-Kt}\right)\right)}$$

Table 1: Ingredient composition and nutritive values of starting and finishing experimental diets

Ingredients (kg)	Experimental diets	
	Starting	Finishing
Maize	54	59
Wheat bran	9	2
Palm oil	2	2.5
Palm kernel	-	4
Soya mash	20	21
Cotton mash	2	4
Fish meal	6	-
Premix	5	5
Bone meal	0.8	0.9
Calcium bicarbonate	1.8	1.75
Salt	0.3	0.25
Total	100	100
Metabolisable energy (Kcal/Kg)	2909.06	3010.17
Crude protein (%)	21.01	18.70
Energy/protein ratio	139.10	160.90
Lysine	1.16	0.81
Methionine	0.41	0.33
Phosphorus	0.42	0.36
Calcium	1.17	0.97
Crude cellulose (%)	3.90	3.70

$$T_i = \frac{1}{K} \times ln\left|\frac{L}{K}\right| \qquad A = P_{oc}\, X\, e^{\frac{L}{K}}$$

Marquardt procedure of the NLIN procedure (SAS, 1999). Data were weighted by the inverse of mean at age t. The regression was performed on grouped data by sex and breed.

Age at inflection (Ti) and asymptotic body weight (A) were then obtained by the following formulae:

As parameters were obtained on group data, standard errors were available only for BW0c, and K. To obtain standard errors for L, Ti, and A, we then performed a bootstrap analysis. It consisted in recreating data sets containing 72 data per sex and breed, by random sampling with replacement among our original data set. We made 200 repetitions, which finally gave us the confidence interval of these parameters at the 5% level.

Growth rates and feed conversion ratios were analyzed by analysis of variance with two factors, to test the effects of breed, sex, and their interaction:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + S_j + GS_{ij} + e_{ijk}$$

where Yijk is the value of trait of individual k, of breed i and sex j, μ is the overall mean of the trait, Gi the fixed effect of breed i (i=NN, NF, C, FT), Sj the fixed effect of sex j (j=male, female), GSij the fixed effect of interaction between the breed i and sex j, and eijk is residual pertaining to bird k.

The test of Duncan has then been used to distinguish which means were significantly different from each other. For growth curve parameters, factors for which confidence intervals at the 5% level were distinct were declared significantly different.

Results

Survival rate varied greatly among breeds. The FT chickens were the less resistant to our conditions, with only 61.4% of chicks still alive at 16 weeks. At the opposite, the NF birds are the most rustic, their survival rate at 16 weeks being 85.6%. The birds of C and NN breeds were intermediate, their survival rates being measured at 68.8% and 76.2%, respectively.

The analysis of variance for growth showed that the interaction between breed and sex was not significant at any age, except at 9 weeks. At the opposite, breed and sex effects were significant from hatch to 16 weeks. Males were 2.5% heavier at hatch, and sexual dimorphism increased progressively to reach a maximum ranging from 43.0% to 46.9% between 11 and 14 weeks, and decreased slightly at 15 and 16 weeks (26.6 to 39.3%). Independent of sex, the FT breed was heavier than the other 3 breeds during the first 5 weeks, heavier than NN and C at 6 and 7 weeks, and heavier than C and NF from 8 to 16 weeks. Chickens from C breed were lighter than the FT whatever the age, and lighter than the NN from 8 weeks on. Whatever the breed and the sex, the coefficients of variation of body weight were low at hatching, ranging from 5.1 to 8.4% depending on the breed, increased in the middle of the growth period until they reached 15.1 to 23.7% between 3 and 7 weeks, and they stabilized between 5.6 and 12.1% from 10 weeks on.

Figure 2 represents the mean weekly weight gains from hatch to 16 weeks, by breed. Absolute growth rates presented the same pattern of evolution among the four breeds, with a progressive increase during the first 8 weeks (5.85 $g.d^{-1}$ on average on the four either breeds), and a stabilization until 16 weeks around a value of about 9.66 $g.d^{-1}$. As growth rates were very slow, the experiment did not last long enough to observe the last phase of decrease of growth rate. The breed effect was significant between 2 and 4 weeks, at 8 and at 16 weeks, but the ranking of the breeds varied

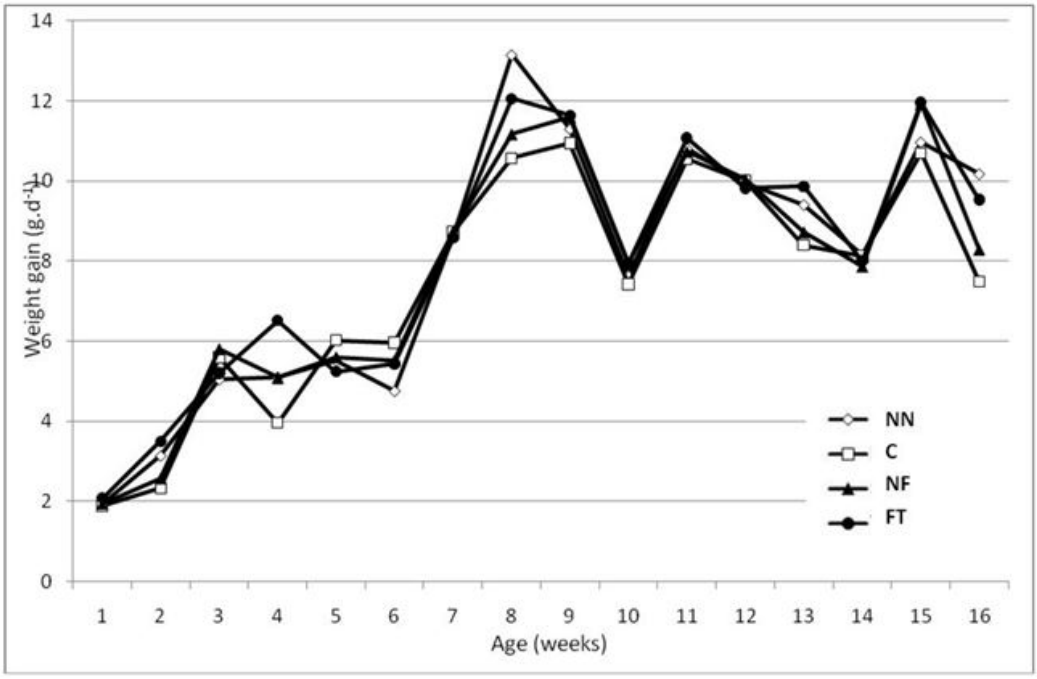


Figure 2: Weekly evolution of absolute weight gain for the four breeds of local chickens of Western highlands of Cameroon (NN: Naked neck; C: crested; NF: normally feathered; FT: feathered tarsus)

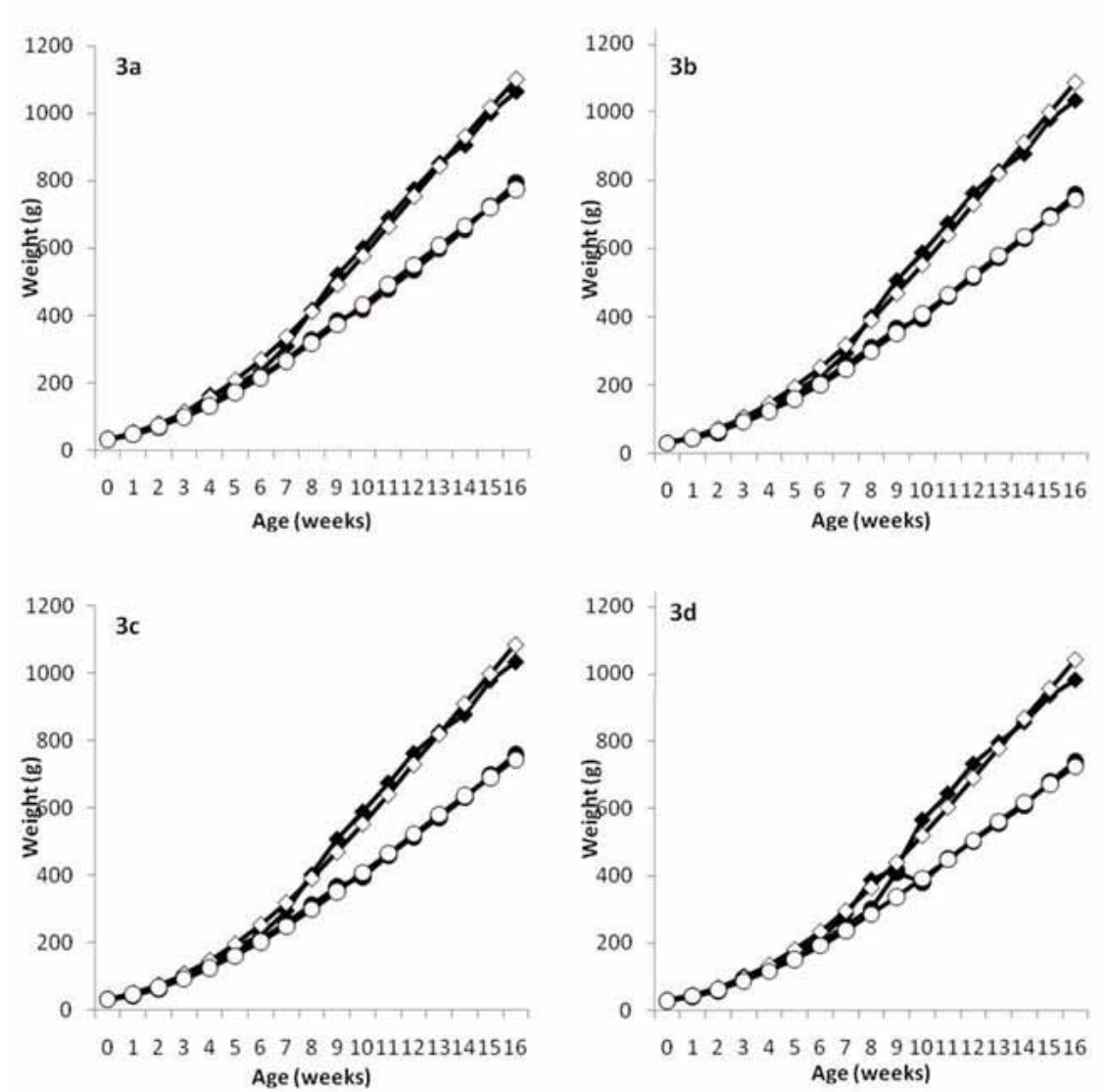


Figure 3: Measured (full symbols) and estimated (empty symbols) growth curves for males (diamonds) and females (circles) of the NN (3a), FT (3b), NF (3c), and C (3d) breeds

with age. The general tendency was a higher growth rates for FT and NN than for NF and finally C.

As expected, sex significantly influenced the absolute and relative growth rates. Apart from weight gains during the 10th week, which were abnormally low for females, males showed absolute and relative gains respectively 23.3% and 2.5% higher than females (8.63 $g.d^{-1}$ vs. 6.88 $g.d^{-1}$ for absolute weight gains, 0.039 -1 and 0.036 d^{-1} for relative weight gains). We also observed a discrepancy between the first phase of growth (before 8 weeks) during which relative growth rates are 16.3% higher in males (0.057 d^{-1} vs. 0.051 d^{-1} for females) and the second phase (between 9 and 16 weeks) during which relative growth rates are 13.3% higher in females (0.019 d^{-1} vs. 0.017 d^{-1} for males).

Figure 3 illustrates the measured and estimated growth curves depending on sex and breed. This figure shows the good fitting of the Gompertz model to our data, and the interest of using this model to smooth out the effect of a random variation of weight at a given age.

For example, the body weight at 9 weeks for females of the C breed was very high compared to the rest of the growth curve, and the fitted growth curve does not show this abnormality anymore.

Growth curve parameters are presented in Table 2. Estimated body weight at hatch (BW0c) presented an interaction between sex and breed, BW0c being higher in males for the breed NN, higher in females for the breeds C and FT. Consequently, estimated body weights at hatch were higher in C and FT than in NN and NF breeds, but only in females. The initial specific growth rate (L) and the asymptotic body weight (A) were significantly higher in males than in females, but the difference was not significant among breeds, probably partly due to large confidence intervals.

The maturation rate (K) seems to be poorly affected by sex and breed in our experiment. The only significant difference observed was a higher value of K in C and FT females than in NN females, implying a slower decrease of growth rate after inflection in the latter than in the former breeds.

Contrarily to what could be expected, the age at inflection did not significantly differ between males and females. However, for males as for females, birds of the C breed reached inflection 6.3 to 9.4 d earlier than birds of the FT breed, depending on sex.

Table 2: Estimated growth curve parameters (+ standard errors) depending on sex and breed

Breed[1]	Sex[2]	Growth curve parameters				
		BW_{0c}3 (g)	L[4] (g.d.-1)	K3 ($g.d^{-1}$)	T_I[4] (d)	A[4] (g)
NN	M	30.64 + 0.28	0.0776 + 0.0014	0.0163 + 0.0002	77.70 + 1.64	1799 + 42.5
NN	F	29.36 + 0.24	0.0622 + 0.0005	0.0157 + 0.0002	83.07 + 1.42	1421 + 25.6
C	M	30.84 + 0.29	0.0738 + 0.0011	0.0162 + 0.0003	84.51 + 1.91	1923 + 47.9
C	F	32.81 + 0.27	0.0627 + 0.0005	0.0168 + 0.0002	82.41 + 1.34	1347 + 26.0
NF	M	30.47 + 0.27	0.0792 + 0.0010	0.0162 + 0.0002	75.62 + 1.54	1741 + 43.2
NF	F	28.61 + 0.22	0.0625 + 0.0008	0.0162 + 0.0003	81.22 + 2.04	1364 + 38.1
FT	M	30.37 + 0.28	0.0776 + 0.0014	0.0164 + 0.0002	75.12 + 1.42	1775 + 38.9
FT	F	32.41 + 0.24	0.0638 + 0.0008	0.0168 + 0.0002	76.11 + 2.00	1316 + 33.2

[1] NN: naked neck; C: crested; NF: normally feathered; FT: feathered tarsus
[2] M: males; F: females
[3] Values obtained by non- linear regression
[4] Values obtained by bootstrapping followed by nonlinear regression (N= 200 iterations)

Table 3: Feed conversion ratio depending on breed and sex

Sex	Breed[1]			
	NF	FT	C	NN
Males	5.79 ± 0.09[a2]	6.09 ± 0.24[a]	5.70 ± 0.10[a]	5.83 ± 0.33[a]
Females	8.73 ± 0.39[b]	9.45 ± 0.57[b]	9.11 ± 0.34[b]	9.17 ± 0.41[b]
Males & Females	7.26 ± 0.24[a]	7.77 ± 0.40[a]	7.40 ± 0.22[a]	7.50 ± 0.37[a]

[1] NF: normally feathered; FT: feathered tarsus; C: crested; NN: naked neck
[2] within a line, means with different superscripts differ significantly (P<0.05)

Table 3 presents feed conversion ratios measured by group and sex. Feed conversion ratios are on average very high (7.48).Breed and interaction between breed and sex were not significant on this trait, but sex effect was highly significant. Indeed, FCR was 50.7 to 59.8% higher in females than in males.

Discussion

Mortality rates were rather high for all breeds, ranging from 14.9% in NF to 35.2% in FT birds. These survival rates are very low when compared to usual values in the literature. For example, in the review of Sauveur (1997), mortality rate was on average 2.5% in slow growing "Label Rouge" chickens and 5.1% in rapid growing broilers. However, these data were collected on standard European farms, in controlled conditions and on temperate climate. N'Dri et al. (2006) showed that mortality rate increased when chickens were reared under hot temperatures, the effect being higher in rapid growing broilers (35.5 to 44.0% mortality) than in slow growing broilers (3.2 to 3.8% mortality). However, even in their study, the conditions were well controlled and the only challenge given to birds was temperature. In conditions closer to the production conditions encountered in Africa, animals have to cope with multiple challenges, and mortality rates are much higher. Several studies estimated this mortality rate between 18.9% and 88.0% for local breeds in real conditions (Wilson, 2010), which is more consistent with our data. Mortality rate can be attributed both to the breeds used and to the combination of challenging environmental factors (Cahaner *et al.,* 1995).

The mean body weight at hatch observed on the four breeds of Cameroon used in our study (31.41; 32.84; 29.81 and 31.08 respectively for NF, FT, Cr and NN) is in the lower end of the range of former studies on traditional breeds such as the Gournay, the Gauloise, the Fayoumi, the Dandawary, the Sinaï, or crosses from Nigeria (i.e. from 26 to 41 g, N'dri *et al.,* 2006; Nwachukwu *et al.,* 2006; Saadey *et al.,* 2008). Our recorded body weight at 8 weeks (350.96; 368.89; 340.18; 356.56 for NF, FT, Cr and NN respectively) are also in the lower end of the range of studies on local breeds of Hossary & Galal (1995), Tixier-Boichard et al. (2006) and Wilson (2010), i.e. 329 to 763 g vs. 301 to 416 in our study.

Similarly, weight gains are low and comparable to values obtained on other local breeds by Moula et al. (2009b). Indeed, temperature is always hot in the west of Cameroon (>20-30°C as compared to Mediterranean and temperate zones) and humidity is very high (75 to 97% in Douala, for example), which reinforces the effect of temperature. In these conditions, birds tend to reduce their feed intake to regulate their temperature (Abu-Dieyeh, 2006), to have a less efficient digestion (Har *et al.,* 2000), a slower metabolism limiting for example tissue deposition (Farrel & Swain, 1978), which therefore strongly affects weight gain and FCR.

Taking into account all these factors, it was therefore logical to find very high FCR values, when comparing to traditional breeds reared in more favorable conditions. Our FCR values are on the contrary comparable to those obtained on local breeds reared in conditions closed to field African conditions, e.g. 6.58 for the Gasconne breeds in Cameroon (Keambou *et al.,* 2009) or between 11.0 and 13.4 for local Ethiopian breeds (Hassen, 2006). These high values can also probably be partly attributed to food spillage, which results from the feeding behavior of local breeds, which tend to scratch the floor or the feeder, and to pick over their food. In the experiment of N'Dri et al. (2007), food spillage was suspected to be responsible for an increase of 14% of FCR between birds reared in cages and their mates reared on floor, even under much more favorable temperature and pathogen pressure conditions. Moreover, our measures were made between 0 and 16 weeks, therefore largely beyond the usual 5 to 8 weeks of most studies performed on industrial chicken breeds, and it is known that FCR increases with age, as maintenance needs increases with body weight. Finally, the pathogen pressure can be high in field conditions, and the presence of coccidiosis, coryza or colibacillosis affecting FCR is frequent (Hassen, 2006).

Within each breed, the measured and estimated growth curves varied with sex, consistently with previous studies in the literature, in which this effect was estimated at 5 to 10% of the growth curve (Pedersen *et al.,* 2003; Moula *et al.,* 2009a, 2009b). In our case, this effect is mostly present on the growth rate at the beginning of the growth curve and on asymptotic body weight, both higher in males. For C and FT breeds, the maturation rates are also higher in females, which was expected from literature data (Mignon-Grasteau & Beaumont, 2000), but we did not find this effect for NN and NF breeds. As the difference in growth curve parameters between males and females is partly due to a scale effect (Mignon-Grasteau & Beaumont, 2000), it is possible that the low difference found in our study can be due to the very slow growth of our local breeds. This very low difference in L and K also probably explains why we did not find a significant sex effect on age at inflexion, whereas literature reviews mentioned a more precocious growth of females, i.e. lower values of TI for females (Hancock *et al.,* 1995). However, we were studying very different breeds reared on much more difficult conditions, for which to our knowledge, no data are available yet on growth curves.

The study of growth curves in these four breeds revealed different values of parameters among breeds. Whatever the breed, the growth curve parameters are rather close to those obtained on slow-growing chickens by Mignon-Grasteau et al. (1999). These authors reported values of initial specific growth rate and of maturation rate ranging respectively between 0.061 g.d-1 and 0.099 g.d-1 and between 0.010 g.d-1 and 0.021 g.d-1. The higher asymptotic body weight in C males can be linked to the lower K value, and then to a longer period of growth. Thus, taking into account our estimated growth curve parameters, C birds would reach 95% of their asymptotic body weight at 140 d for males and 238 d for females, i.e. much later than birds of the FT breed (115 d for males and 194 d for females).

Thus, combining growth rate and survival, the NF breed produces the greatest daily weight gain (5.88 g.d-1), ahead of NN (5.41 g.d-1), C and FT breeds being penalized by their low survival rate (4.31 g.d-1 and 4.07 g.d-1, respectively). Finally, NF breed combines a better growth and the highest survival rate with a 1.93% to 7.02% lower FCR than for the NN, CN, and C. As food is representing almost 70% of the production cost of a chicken, this lower FCR indicated that NF meat would be cheaper to produce.

Genetic improvement schemes have to take into account not only performances, but also socio-cultural and ritual values associated to local breeds, in order to guarantee a durable management of local genetic resources.

Conclusion

As such, the local normally feathered breed seems to be the best candidate to be introduced in selection scheme program for meat production. However, before using this breed, it will be necessary to collect additional information on its tolerance to hot temperature combined with high humidity.

References

Abu-Dieyeh, Z.H.M., 2006. Effect of high ambient temperature per se on growth performance of broilers. International Journal of Poultry Science 5, 19-21.

Anthony, N.B., Emmerson, D.A., Nestor, K.E. & Bacon, W.L., 1991. Comparison of growth curves of weight selected populations of turkey, quail and chicken. Poultry Science. 70, 13-19.

Cahaner, A., Pinchasov, Y. & Nir, I., 1995. Effect of dietary protein under high ambient temperature on body weight, breast meat yield and abdominal fat deposition of broiler stocks differing in growth rate and fatness. Poultry Science. 74, 968-975.

Farrell, D.J. & Swain, S., 1978. Effects of temperature treatments on the energy and nitrogen metabolism of fed chickens. British Poultry Science. 18, 735-748.

Hancock, E., Bradford, G., Emmans, G.C. & Gous, R.M., 1995. The evaluation of the growth parameters

of six strains of commercial broiler chickens. British Poultry Science. 36, 247-264.

Har, L., Rong, D. & Zhang, Z.A., 2000. The effect of thermal environment on the digestion of broilers. Animal Physiology. 83, 75-81.

Hassen, H., Neser, F.W.C., de Kock, A. & Van Marle-Köster, E., 2006. Growth performance of indigenous chickens under intensive management conditions in Northwest Ethiopia. South African Journal of Animal Science. 36, 5, Suppl. 1, 71-73.

Hossary, M.A. & Galal, E.S.E., 1995. Improvement and adaptation of the Fayoumi chicken. Animal Genetic. Resource Information. 14:33-41.

Hyankova, L., Dedkova, L., Knizetova, H. & Klecker, D., 1997. Responses in growth, food intake and food conversion efficiency to different dietary protein concentrations in meat-type lines of Japanese quail. British Poultry Science. 38, 564-570.

Keambou T. C., Manjeli Y., Tchoumboue J., Teguia A. et Iroume R. N. 2007: Caractérisation morphobiométrique des ressources génétiques de poules locales des hautes terres de l'ouest Cameroun. Livestock Research for Rural Development. Volume 19, Article #107. Retrieved August 10, 2007, from http://www.cipav.org.co/lrrd/lrrd19/8/keam19107.htm

Keambou, T.C., Boukila, B., Moussounda, G. & Manjeli, Y., 2009. Comparaison de la qualité des œufs et des performances de croissance des poussins locaux des zones urbaines et rurales de l'Ouest-Cameroun. International Journal of Biological and Chemical Science, 3, 457-465.

Mignon-Grasteau, S. & Beaumont, C., 2000. Les courbes de croissance chez les oiseaux. INRA Production Animal, 13, 337-348 (in French, English abstract).

Mignon-Grasteau, S., Beaumont, C., Le Bihan-Duval, E., Poivey, J.P., de Rochambeau, H. & Ricard, F.H., 1999. Genetic parameters of growth curve parameters in male and female chickens. British Poultry Science. 40, 44-51.

Moula, N., Antoine-Moussiaux, N., Fanir, F. & Leroy, P., 2009a. Evaluation of the productions performances of an endangered local poultry breed, the Famennoise. International Journal of Poultry Science. 4, 389-396.

Moula, N., Antoine-Moussiaux, N., Fanir, F., Philippart De Foy, M. & Leroy, P., 2009b. Performances zootechniques de la poule Ardennaise, une race ancienne pour le futur ? Annale de Médecine Véterinaire. 153, 66-75 (in French).

N'dri, A.L., Mignon-Grasteau, S., Sellier, N., Beaumont, C. & Tixier-Boichard, M., 2006. Influence of the naked neck gene on heat tolerance, growth, body composition, meat quality and sensory analysis of slow growing broilers. Livestock Science. 110, 33-45.

N'Dri, A.L., Sellier, N., Tixier-Boichard, M., Beaumont, C., Mignon-Grasteau, S., 2007. Genotype by environment interactions in relation to growth traits in slow growing chickens. Genetics, Selection, Evolution. 39, 513-528

Nwachukwu, E.N., Ibe, S.N., Ejekwu, K. & Oke, U.K., 2006. Evaluation of growth parameters of main and reciprocal crossbred normal, naked neck and frizzle chickens in a humid tropical environment. Journal of Animal and Veterinary 5, 542-546.

Pedersen, M.A., Thamsborg, S.M., Fisker, C., Ranvig, H. & Christensen, J.P., 2003. New production systems, evaluation of organic broiler production in Denmark. Journal of Applied Poultry Research 12, 493-508.

Saadey, S., Mekky, A., Galal, H.I.Z. & Zein El-Dein, A., 2008 Diallel crossing analysis for body weight and egg production traits of two native Egyptian exotic chicken breeds. International Journal of Poultry Science. 7, 64-71.

Sanfo, R., Boly, H., Sawadofo, L. & Brian, O., 2008. Performances pondérales de la pintade locale (Numida meleagris) en système d'alimentation améliorée dans la zone central du Burkina Faso. Revue d'Elevage et de Médecine Vétérinaire des Pays Tropicaux. 61, 135-140.

SAS Institute. 1999. SAS/STAT User's guide. Version 6, 4th ed, SAS Institute Inc., Cary, NC.

Tixier-Boichard, M., Audiot, A., Bernigaud, R., Rognon, X., Berthouly, C., Magdelaine, P., Coquerelle, G., Grinand, R., Boulay, M., Ramanantseheno, D., Amigues, Y., Legros, H., Guintard, C., Lossouarn, J. & Verrier, E., 2006. Valorisation des races anciennes

de poulets, facteurs sociaux, technico-économiques, génétiques et réglementaires. Actes BRG, 6, 495-520 (in French).

Wilson, R.T., 2010. Poultry production in the federal democratic republic of Ethiopia. World Poultry Science Journal 66, 441-454.

MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION OF LOCAL PIGS IN GHANA

Adjei, O.D., Osei-Amponsah, R. and Ahunu, B.K.
Department of Animal Science, University of Ghana, Legon

Abstract

Characterization is essential for conservation and sustainable utilization of farm animal genetic resources, especially local breeds that are often less fancied due to their relatively low production potential. A total of 163 local Ashanti Dwarf pigs (ADP) and their crossbreds with exotic breeds, sampled from six regions of Ghana were characterized morphologically following FAO's methodology on phenotypic characterization of Animal Genetic Resources (AnGR). Results indicated no significant ($p > 0.05$) effect of type of breed and sex on linear body measurements. There was a significant ($p < 0.05$) effect of location on linear body measurements. Local pigs presented concave head profile (85.89%), black coat colour type (67.48%), plain coat colour pattern, erect ear type (84.66%), projecting backwards (52.15%) and a short and cylindrical snout type (62.58%). A greater number of the local pigs (70.55%) showed aggressive temperament. The data gathered from this study should contribute to the development of sustainable conservation schemes for local pig genetic resources and prevent their extinction.

Keywords; characterization, morphological, ADP, conservation

CARACTERISATION MORPHOLOGIQUE DES PORCS LOCAUX AU GHANA

Resume

La caractérisation est essentielle pour la conservation et l'utilisation durables des ressources génétiques des animaux d'élevage, en particulier les races locales qui sont souvent moins considérées en raison de leur potentiel de production relativement faible. Un total de 163 porcs Ashanti nains locaux (ADP) et leurs croisements avec des races exotiques, échantillonnés dans six régions du Ghana, ont été soumis à une caractérisation morphologique suivant la méthodologie de la FAO sur la caractérisation phénotypique des ressources génétiques animales (RGA). Les résultats n'ont révélé aucun effet significatif ($p> 0,05$) du type de race et du sexe sur les mensurations linéaires du corps. On a noté un effet significatif ($p <0,05$) de la localité sur les mensurations linéaires du corps. Les porcs locaux présentaient les traits ci-après : profil concave de la tête (85,89%), couleur de robe noire (67,48%), couleur de robe unie, oreilles dressées (84.66%), projection arrière (52,15%) ; museau court et cylindrique (62,58%). Un plus grand nombre de porcs locaux (70,55%) a affiché un tempérament agressif. Les données recueillies à partir de cette étude devraient contribuer à l'élaboration de programmes de conservation durable des ressources génétiques des porcs locaux et prévenir leur extinction.

Mots-clés: caractérisation, morphologique, ADP, conservation

Introduction

Ghana is not self-sufficient in animal protein production, a situation which is expected to get worse with increasing human population growth. Sustainable breeding and conservation of local breeds such as the Ashanti Dwarf pig (ADP) (Figure 1) will enable it contribute to animal protein production because of its disease resistance, heat tolerance and ability to effectively utilise poor quality feeds. The pig has some unique advantages over all other animals, which make them a good species of animals to multiply extensively to minimize protein shortages. Among these advantages are fast growth rate, high prolificacy, very good efficiency of feed utilization which brings better returns per units of inputs than most other animals and high quality meat which is both tender and more nutritive in terms of the contents of protein and the B-vitamins than those of other animals (Ogunniyi and Omoteso, 2011).



Figure 1: Ashanti Dwarf Pig (ADP)

Indigenous breeds have relatively low productivity and as such farmers result to crossbreeding with exotic breeds to improve upon their productivity. On the other hand, locally adapted breeds have evolved and adapted to various environmental conditions and therefore represent an important genetic resource. The ADP is hardy, tolerant to most diseases and has ability to survive under poor management, extreme environmental conditions including heat stress and is also able to handle fibrous feeds much better than exotic breeds (Darko and Boadu, 1998; Barnes and Fleischer, 1998) is the popular breed for such farmers. However, they have poor body conformation, slow growth rate and are poor producers compared to the exotic breeds (Holness, 1991). Baffour-Awuah et al. (2005) reported litter size at birth of between 4 and 7, mature body weight of 60kg and a pre-weaning mortality of 22.3% for the ADP. The ADP has therefore over the years faced a threat of being replaced by exotic breeds such as the Large White, Landrace and Duroc (Barnes and Fleischer, 1998) in spite of its relatively low cost of production.

However, this genetic resource has not been adequately characterized to provide the requisite information for their sustainable conservation (Osei-Amponsah *et al.,* 2015). Characterization is one of the first activities to be undertaken in the development of a plan for the management of animal genetic resources (AnGR) according to the Global Plan of Action for AnGR (FAO, 2007). Characterization contributes to the reliable prediction of genetic performance of an animal genetic resource in a defined environment and provides a basis for distinguishing between different animal genetic resources and for assessing available diversity (Rege, 1992). The objective of this study was therefore to characterize local pigs of Ghana and document their unique morphological attributes.

Materials and Methods

Purposive sampling (Kumar, 2005) was used to collect data on 163 local pigs from six regions in three agro-ecological zones of Ghana. Farmers and communities where local pigs are raised were identified with the assistance of District Directors of the Ministry of Food and Agriculture (MoFA) and Agricultural Extension Agents (AEAs). Apart from the Babile pig breeding station and some few farms, most of the farmers often did not have birth records. Measurements of morphological features of the pigs were done and questionnaires



Figure 2: how weights of the local pigs were taken.



Figure 3: how quantitative variables (ear length) were measured

administered to farmers. The data was recorded according to the procedure described by FAO (2007). Body weights were recorded using weighing scale (Figure 2) whiles the linear body measurements (Figure 3) were recorded using a standard tape measure. In most cases, age was estimated by either the year or the month in which the animal was born. Pigs were assigned to one of three in age-groups: 0 - 8, 9 – 12 and over 12 months.

Results and Discussion

The study sampled more female pigs than males because male pigs in the areas under study were culled at a higher rate than females. Mean live weight and body measurements (Table 1) recorded in these samples show that the local ADP are generally smaller than the exotic or imported breeds and their crosses. Lekule and Kyvsgaard (2003) reported that smaller size of local pigs may impact a greater ability to survive under harsh conditions than



Figure 4: An Ashanti Dwarf Pig (ADP) with a plain black coat colour, erect ears projecting backwards and with a short and cylindrical snout.

larger size, as an evolutionary adaptation to conditions of low-input production. Another study also reported that local genotypes have less demand for feed because of their small body size (Ndindana *et al.,* 2002) and can utilize fibrous and tannin-rich diets more efficiently than imported genotypes (Mushandu *et al.,* 2005).

Coat colours were mainly black, (Figure 4) brown and black, and white and black (Table 2). There was varied colouration patterns amongst the local pig populations sampled with predominantly plain followed by patchy and spotted patterns. Similar coat patterns and colours were reported for indigenous pig types in Nigeria (Adeola *et al.,* 2013). Chiduwa (2006) reported that local pigs in Zimbabwe have many coat colour variations with black and brown being most common while white is infrequent. Head profile of local pigs was mostly concave with a few heads being straight. Majority of the local pigs presented short and cylindrical as compared to long and cylindrical (Table 2).

Majority of the local pigs had erect ears projecting backwards. Sahaayaruban et al. (1983) also reported that the Sri Lankan local pigs have short, erect ears pointed backwards. Likewise, majority of prick-shaped (erect) ears in local pigs have been reported in Zimbabwe (Chiduwa, 2006; Subalini *et al.,* 2010).

Majority of the local pigs possessed

Table 1: Effect of age on linear body measurements (Means ± Standard Errors)

	Age (months)		
Body measurement	**0 – 8**	**9 – 12**	**Over 12**
Body Length	53.6 ± 1.19	68.1 ± 2.26	83.8 ± 4.1
Height at Withers	36.9 ± 0.77	48.6 ± 1.38	53.1 ± 2.14
Heart Girth	49.1 ± 0.96	62.6 ± 2.04	72.1 ± 3.5
Snout Length	18.4 ± 0.43	25.1 ± 0.97	27.7 ± 1.37
Hind Limb	23.7 ± 0.48	29.9 ± 0.75	34.3 ± 1.34
Fore Leg	19.7 ± 0.52	26.4 ± 0.70	30.3 ± 1.24
Head Length	13.7 ± 0.28	18.2 ± 0.49	20.7 ± 0.94
Tail Length	12.5 ± 0.50	17.5 ± 1.02	20.5 ± 1.09
Facial Length	15.7 ± 0.37	20.8 ± 0.60	23.7 ± 1.06
Ear Length	5.7 ± 0.23	8.4 ± 0.55	10.0 ± 0.56
Teat numbers	11.5 ± 0.19	11.5 ± 0.30	11.8 ± 0.28

Table 2: Number and percentages of local pigs showing the various morphological characteristics

Category	Trait	Total	(%)
Ear type	Semi-lop	25	15.34
	Erect	138	84.66
Ear orientation	Forward	46	28.22
	Backward	85	52.15
	Upwards	32	19.63
Skin	Smooth	153	93.87
	Wrinkled	10	6.13
Tail type	Straight	92	56.44
	Curly	63	38.65
	Docked	8	4.91
Head profile	Concave	140	85.89
	Straight	23	14.11
Coat colour type	Black	110	67.48
	White & Black	38	23.31
	Brown & Black	15	9.20
Coat colour pattern	Plain	118	72.39
	Patchy	26	15.95
	Spotted	19	11.66
Snout	Short & cylindrical	102	62.58
	Long & cylindrical	61	37.42
Body hair type	Short & straight	71	43.56
	Long & dense	46	28.22
	Long & curly	35	21.47
	Sparse	11	6.75
Backline	Straight	25	15.34
	Swaybacked	138	84.66

swaybacked backline and straight tail. A large number (72%) of village pigs have also been reported to possess straight tails in Sri Lanka (Subalini *et al.,* 2010). Local pigs showed different hair types with the short and straight type being the most common. Local pigs mostly had smooth skin with few having wrinkled skin type. Pigs that had wrinkled skin were the old ones and there had been continuous parasitic infestations which resulted in rash-like patches of their skin.

Results of the survey indicated that age of local pigs had a significant influence ($P < 0.05$) on their body measurements as they increase in size and weight with age. However, female pigs sampled had slightly higher linear body measurements than their male counterparts but were not statistically different ($P > 0.05$). The difference in linear body measurements could be as a result of their age differences since most of the female local pigs sampled were older than the male local pigs.

Conclusion

Morphologically, local pigs were

characterized as having a predominantly concave head profile, black coat colour, plain coat colour pattern and erect ears. Local pigs of Ghana are not docile and their average numbers of teats indicate their relatively good reproductive and mothering abilities. This study has provided information on the extent of morphological differentiation within the local pig population. The wide variation in morphological attributes of the local pig could be attributed to differences in genotypes in the local swine gene pool and their admixture which could potentially dilute their adaptive genes.

References

Adeola, A., Oseni, S. and Omitogun, O. (2013). Morphological characterization of indigenous and crossbred pigs in rural and peri-urban areas of southwestern Nigeria. Open Journal of Animal Sciences, volume 3, 230-235.

Baffour-Awuah, O., Kewuribi, C.S., and Este, D. B. (2005). The Performance of Ashanti Black Pigs under an Intensive Management System. Ghanaian Journal of Animal Science 1: 7-13

Barnes, A. R. and Fleischer, J. E. (1998). Growth rate and carcass characteristics of indigenous (Ashanti Dwarf) pig. Ghana Journal of Agricultural Science, 31: 217-221.

Chiduwa, G. (2006). Genetic Resource Base, Phenotypic Characters and Herd Dynamics of Indigenous Pigs in a Semi-arid Smallholder Farming Area of Zimbabwe. MSc Thesis. University of Zimbabwe.

Darko, K. and Buadu, M. K. 1998. The performance of a herd of Ashanti Dwarf pigs in the Forest zone of Ghana. Proceeding of 24th Ghana Animal Science Association Symposium held at University of Science and Technology, Kumasi, 26-29 August 1998. Abstract p.8

CARACTÉRISTIQUES SOCIOÉCONOMIQUES ET TECHNIQUES DE L'ÉLEVAGE ÉQUIN DANS LA RÉGION DU NORD-OUEST CAMEROUN

Nyock R A F[1], Meutchieye F[2], Manjeli Y[3], Ojong-Bessong W[3] et Tchoumboue J
[1, 2, 3 et 5] Département des Productions Animales, FASA-Université de Dschang/ BP : 188 Dschang – Cameroun;
[4]Société de Développement des Productions Animales (SODEPA) – Ministère de l'Elevage, des Pêches et des Industries Animales (MINEPIA) - Cameroun ;
Auteur: rose.nyock@yahoo.fr

Resume

En vue de décrire les caractéristiques socio- économiques et techniques de l'élevage équin, 103 propriétaires volontaires de chevaux, élevant au moins une jument ayant été saillie au moins une fois dans la région du Nord-ouest Cameroun, ont été enquêtés par des interviews semi-structurées et des observations directes entre Mai et Septembre 2013. De cette enquête, l'on a observé que l'élevage équin est une activité essentiellement masculine pratiquée par des adultes mariés et polygames pour plus de la moitié. Les chevaux élevés sont de races locales, issues des accouplements non contrôlées. Les principaux objectifs de cet élevage par ordre d'importance sont le transport, la commercialisation et les courses de chevaux et la traction. Sur le plan technique, les cheptels varient de 1 à plus de 30 chevaux et il est difficile de retrouver des éleveurs exclusifs de chevaux. Les contraintes majeures seraient les maladies (24%), l'absence de marché de chevaux (22%) et le vol (19%). Malgré cela, les services rendus et la rentabilité financière que produit le cheval, encouragent les éleveurs à augmenter les effectifs. Des études subséquentes sont envisagées pour l'évaluation des systèmes de production et de la diversité génétique équine au Cameroun en vue de leur meilleure exploitation.

Mots clés : Cheval - Elevage - Caractéristiques - Nord-Ouest - Cameroun

SOCIO-ECONOMIC CHARACTERISTICSAND HORSE-BREEDINGTECHNIQUES IN NORTHWEST CAMEROON

Abstract

In order to describe socio-economic characteristics and horse breeding methods, 103 volunteer horse owners, rearing at least a mare that had been covered at least once in northwest Cameroon were surveyed using semi-structured interviews and direct observation, between May and September 2013. This survey revealed that more than half of horse breeders were male, indicating that horse breeding is a predominantly male activity practiced by married adult and polygamous men. Horses raised in the region are of local breeds from uncontrolled copulation. The main objectives of this breeding are as follows, in order of importance: transportation, sale, horse-racing and traction. Technically, herd size ranged from 1 to more than 30 horses, and it was difficult to find exclusive horse keepers. Major constraints included diseases (24%), lack of market for horses (22%) and theft (19%). Despite this, services provided and horse financial returns encourage farmers to increase numbers. Subsequent studies are envisaged to evaluate equine production systems and genetic diversity in Cameroon for their better utilization of the animals.

Keywords: horse - breeding – characteristics - Northwest - Cameroon

Introduction :

L'élevage du cheval est une activité aux fonctions nutritionnelles, sociales, et culturelles au sein des populations le pratiquant au Cameroun (MINEPIA, 2012). Malgré ces importantes fonctions, cette espèce demeure peu valorisée dans la conduite des cheptels, et les informations y afférentes restent très rares et dispersées (Moumini, 2005 ; Mohamadou, 2006). D'où la nécessité de mener une étude, pour faire progressivement le point sur l'état des lieux de la filière du cheval dans les régions où cet élevage se pratique, en l'occurrence dans la Région du Nord-Ouest, principale zone d'élevage du cheval au Cameroun (Mohamadou, 2006). L'objectif de cette étude était de contribuer à l'amélioration des connaissances des facteurs socio-économiques et techniques qui affectent l'expansion des activités de ce domaine riche et varié en terme de métiers. Il s'est agi d'évaluer les caractéristiques socio-économiques des éleveurs équins dans la région du Nord-Ouest Cameroun, d'analyser les caractéristiques techniques et d'identifier les principales contraintes, ceci afin de suggérer des orientations susceptibles de faciliter le développement de l'élevage du cheval au Cameroun.

Materiels et Methodes :

Présentation de la zone d'étude

L'étude a été menée dans les Départements de la Momo, Mezam et Bui de la région du Nord-Ouest Cameroun (figure 1).

Choix des éleveurs

L'échantillonnage a été effectué de façon aléatoire par la méthode « boule de neige » selon dérivée de Chauvet (2012) sur 103 élevages volontaires possédant au moins une jument ayant été saillie au moins une fois (Krzmic, 2012).

Collecte des données

Les données collectées relatives aux caractéristiques socioéconomiques et techniques ont été obtenues à l'aide d'une trame d'enquête structurée.

Analyses statistiques des données

La statistique descriptive a été utilisée pour les variables discontinues et continues sur Microsoft Excel 2010.

Résultats :

Caractéristiques socioéconomiques

L'âge, le sexe, la situation matrimoniale, la religion, l'ethnie et l'ancienneté des éleveurs de chevaux dans l'activité équine montrent des tendances variables (tableau 1). Il se dégage du que l'élevage des chevaux est une activité essentiellement masculine (96%) pratiquée par des hommes âgés et matures dont l'âge est compris entre 20 et 60 ans (82%). Concernant l'ethnie et la religion, la quasi-totalité des propriétaires de chevaux dans le Nord-Ouest sont musulmans (93%) avec une proportion très marginale d'éleveurs d'autres appartenances religieuses (6%) ; ils appartiennent majoritairement aux ethnies Bororo, Banso'o et Dourou. Ces trois grands groupes ethniques peuvent également se ranger en deux groupes: les Bororo ou allogènes (96%) et les autochtones (4%). Pour ce qui est de la situation matrimoniale, les éleveurs sont des hommes mariés (92%) à plus d'une femme pour plus de la moitié des enquêtés (58%). De plus les élevages équins ne sont pas récents, puisqu'environ trois quart des enquêtés ont plus de 20 ans d'ancienneté (73%). Concernant le niveau d'éducation et les objectifs d'élevage, il ressort de la que 48% d'éleveurs de chevaux ne sont pas allés à l'école, tandis que 19% ont été à l'école coranique, 24% ont fait le primaire, 6% ont atteint le secondaire et 3% le supérieur (figure 2). Aussi, il apparaît que le transport (92%), la vente (99%), les courses (45%) et la traction (1%) sont les différents objectifs d'élevage du cheval dans la région du Nord-Ouest.

Caractéristiques techniques de l'élevage des chevaux

Les système d'élevage, types de logement, sources d'alimentation et

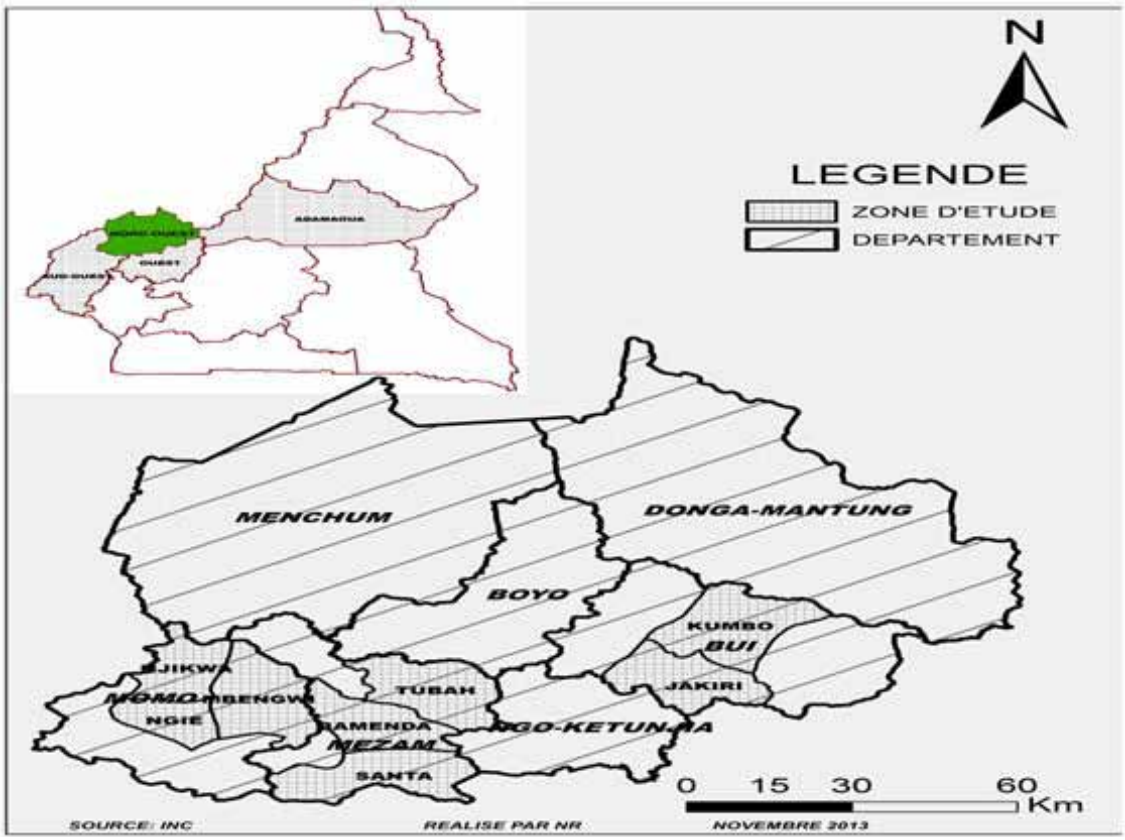


Figure 1: Carte de la région du Nord-Ouest Cameroun

d'abreuvement, différents symptômes de maladies, causes de mortalités, mesures sanitaires pratiquées ainsi que les facteurs influençant le prix d'un cheval montrent les principaux défis de l'élevage équin (tableau 2). Il se dégage du tableau 2 que 87% des éleveurs laissent les chevaux totalement en liberté et 13% pratiquent la divagation saisonnière. Pour le logement des chevaux, 9% de propriétaires n'en disposent pas, alors que 91% possèdent au moins des hangars ou des enclos (encore appelé localement paddock) pour contenir les chevaux non loin des concessions familiales. Concernant l'alimentation, tous les chevaux exploitent les ressources fourragères faite de la végétation naturelle et la contribution des aliments concentrés dans l'alimentation reste marginale (1%). L'abreuvement direct des chevaux sur les berges des cours d'eau (98%) constitue la forme d'exploitation de l'eau la plus utilisée. Par ailleurs, les éléments majeurs qui menacent l'évolution des cheptels sont les maladies (86%), le vol (62%), les accidents (54%) et l'insuffisance de fourrage (2%). Parmi ces maladies, les symptômes récurrents sont la fatigue (58%), les difficultés à s'alimenter (50%), les parasites externes (26%), les inflammations musculaires (22%), les problèmes respiratoires (19%) pour ne citer que ceux-ci. Pour pallier à ces anomalies, les éleveurs associent médecine traditionnelle ou ethno vétérinaire (38%) à la médecine vétérinaire conventionnelle par le déparasitage (98%), la vaccination (8%) et les traitements à base d'antibiotiques (87%). Toutefois, le poids (88%), la taille (37%), la race (21%°), le sexe (6%), l'utilisation (1%), voire les couleurs de la robe de l'animal (6%) sont les critères qui déterminent la valeur d'un cheval à vendre.

Concernant la taille des troupeaux, les élevages recensés comportaient un total de 1069 chevaux, soit 482 mâles et 587 femelles (figure 3). Globalement, plus de la moitié des élevages possèdent moins de 10 chevaux, et

Tableau 1: Répartition des éleveurs en fonction du sexe, l'âge, ethnie, religion, situation matrimoniale, nombres d'épouse et ancienneté en élevage de chevaux

Paramètres et caractéristiques	**Départements**			
	Bui	**Mezam**	**Momo**	**Moyenne**
Sexe				
Masculin	94 (32)	95 (18)	100 (50)	96 (100)
Féminin	3 (1)	5 (1)	0	3 (2)
Autres	3 (1)	0	0	1 (1)
Tranches d'âge (années)				
Moins de 20 ans	6 (2)	0	2 (1)	3 (3)
20 – 40	50 (17)	16 (3)	56 (28)	41 (48)
40 – 60	29 (10)	58 (11)	36 (18)	41 (39)
60 et plus	12 (4)	26 (5)	6 (3)	15 (12)
Ethnie				
Bororo	91 (31)	95 (18)	98 (1)	95 (50)
Banso'o	6 (2)	5 (1)	2 (1)	4 (4)
Dourou	0	0	0	0
Religion				
Chrétienne	6 (2)	11 (2)	0	6 (4)
Musulmane	91 (31)	89 (17)	100 (50)	93 (98)
Aucune	3 (1)	0	0	1 (1)
Situation matrimoniale				
Célibataire	9 (3)	0	6 (3)	5 (6)
Marié	88 (30)	95 (18)	94 (47)	92 (95)
Veuve		5 (1)	0	
Nombres d'épouse				
0	9 (3)	5 (1)	6 (3)	7 (7)
1	26 (9)	21 (4)	54 (24)	34 (27)
2	41 (14)	58 (11)	32 (16)	44 (41)
3	12 (4)	16 (3)	4 (2)	11 (9)
4	6 (2)	0	2 (1)	3 (3)
Ancienneté en élevage équin (années)				
0 – 5	0	10 (2)	6 (3)	5 (5)
5 – 10	0	0	0	0 (0)
10 – 15	6 (2)	0	4 (2)	3 (4)
15 – 20	15 (5)	16 (3)	24 (12)	18 (20)
plus de 20	79 (27)	74 (14)	66 (33)	73 (74)

(…) : nombre d'éleveurs

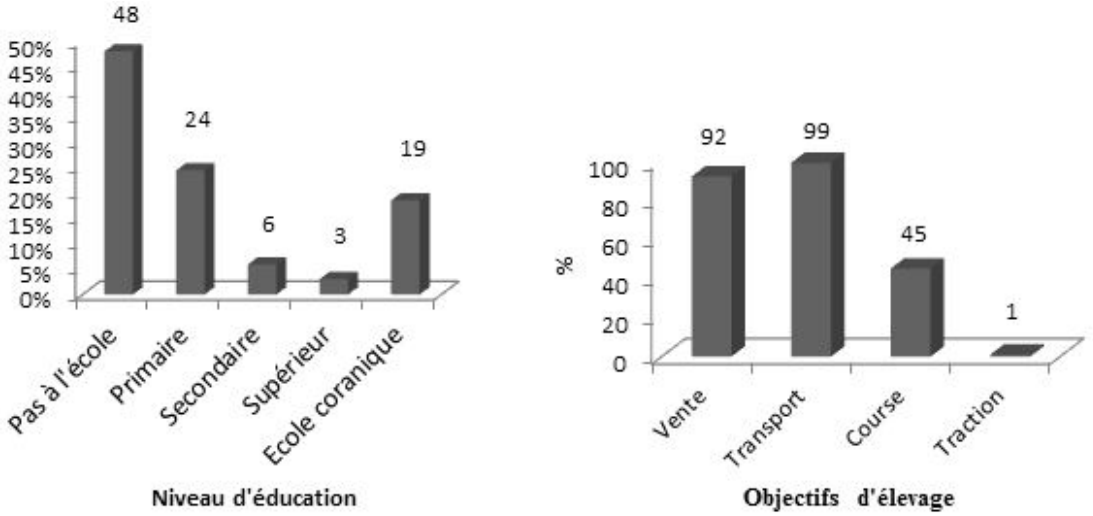


Figure 2 : Répartition des éleveurs en fonction du niveau d'éducation et des objectifs d'élevage

Tableau 2 : Quelques caractéristiques techniques des élevages de chevaux

Caractéristiques	Fréquence (%)	Caractéristiques	Fréquence (%)
Système d'élevage		**Logement**	
Divagation permanente	87	Existant	91
Divagation saisonnière	13	Absent	09
Source d'alimentation*		**Source d'abreuvement***	
Ressources fourragères naturelles	100	Rivières	98
Aliments concentrés	01	Puits	07
Causes de mortalité*		Source	01
Maladies	86,41	**Mesures sanitaires***	
Accidents	54,37	Déparasitages	98,06
Vols	62,13	Antibiotiques	87,38
Insuffisance de fourrage	01,94	Vaccination	07,77
Inconnu	12,62	Traitement traditionnel	37,86
Symptômes de maladies*		**Facteurs influençant le prix d'un cheval**	
Cachexie	07,76	Poids	87,98
Diarrhées	15,53	Race	21,36
Ecoulement (yeux, nez, bouche)	14,56	Taille	36,89
Fatigue	58,25	Couleur	05,82
Inflammations	22,33	Sexe	05,82
Parasites externes	26,21	Utilisation	0,97
Difficultés d'alimentation	49,51		
Difficultés respiratoires	19,42		
Boiteries	04,85		

(*)= un éleveur pouvait avoir plusieurs choix

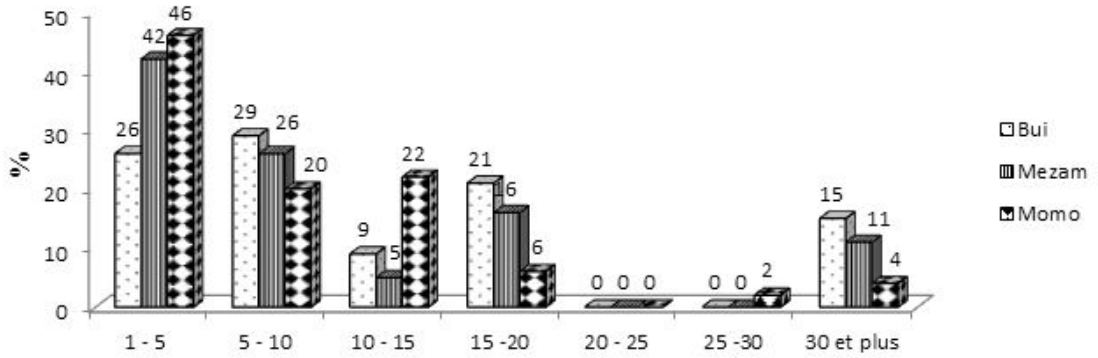


Figure 3: Répartition des élevages en fonction de la taille du troupeau

Tableau 3: Principales contraintes à l'élevage du cheval

Contraintes (*)%	
Commercialisation	50,48 (52)
Conflits	13,59 (14)
Eloignement des points d'eau	18,44 (19)
Maladies	54,36 (56)
Manque de moyen financiers	6,79 (7)
Problèmes d'alimentation	26,21 (27)
Problèmes fonciers	13,56 (14)
Vol	44,66 (46)
Autres	1,94 (2)

(*) : Un éleveur pouvait avoir plusieurs choix ; (…) : nombre d'éleveurs

la proportion des élevages possédant plus de 30 chevaux est assez considérable. L'âge à la puberté chez les mâles se situe entre 1 et 3,5 ans, tandis que chez les femelles, il se situe autour de 1,5 et 2,5 ans. Les contraintes majeures sont les maladies (54%), la commercialisation (50%) et le vol (45%).

Discussion

Par rapport aux caractéristiques socioéconomiques qui montrent que l'élevage des chevaux est une activité essentiellement masculine pratiquée par des hommes âgés et matures dont l'âge est compris entre 20 et 60 ans, ce résultat est similaire à celui de Wamba (2012) chez les éleveurs de bovins à viande dans le Département de la Momo, où 98,6% propriétaires de bovins sont des hommes dont l'âge est compris entre 30 et 60 ans. Il s'avère que bien que les jeunes de moins de 20 ans soient propriétaires de chevaux par héritage pour la majorité, ils n'assument pas pleinement les responsabilités pour ce qui est de l'encadrement de ces animaux. Car cette charge incombe au père s'il est encore vivant, ou au frère aîné jusqu'au moment où le jeune pourra fonder sa propre famille. Concernant l'ethnie et la religion, l'élevage du cheval est une véritable tradition indéfectible ancrée dans la vie des Bororos musulmans qui, vivant sur les collines difficiles d'accès, utiliseraient le cheval comme moyen de transport indispensable des biens et des personnes. Aussi la proportion des éleveurs chrétiens quoique faible est significativement évolutive par rapport à celles trouvées par Deffo (1991) et Mouotie (2006) au Nord Cameroun et dans les Bamboutos respectivement. Ce qui illustre à suffisance l'engouement progressif des autochtones à associer les chevaux aux troupeaux bovins, caprins et ovins pour une meilleure alternative de gestion des troupeaux, voire de diversification des sources revenus. De même, les élevages équins ne sont pas récents, puisqu'environ trois quart des enquêtés ont plus de 20 ans d'ancienneté. Les savoir-faire traditionnels sont l'objet des connaissances ancestrales acquises auprès des aînés, puisqu'il n'existe pas de formation formelle dans le domaine équin à la disposition des éleveurs. Ces observations ont été également faites par Wamba (2012), Mouotie (2006) et Yendji

(2000) pour ce qui concerne les élevages bovins de la même zone. De même, de la figure 2, il ressort que le niveau d'analphabétisme des enquêtés est élevé, mais considérablement faible par rapport aux résultats de Mouotie (2006) dans les Bamboutos (80%). Cette observation s'expliquerait par le fait qu'avec le développement des nouvelles technologies de l'information, de la sensibilisation et de la vulgarisation de l'éducation, les mentalités des populations camerounaises ont changé. Ce qui devient dès lors un atout dans une optique de promotion des innovations relatives à l'amélioration des troupeaux de chevaux dans leur milieu (Pagot, 1985). Aussi, la répartition des différentes formes d'utilisation des productions chevalines de la figure 2 démontre qu'un individu élèverait un cheval premièrement pour des besoins personnels (transport) et ensuite pour la vente, tandis que la location des animaux est inexistante. Cette dernière observation est contraire aux résultats de Mohamadou (2006), pour qui la location des chevaux représentait 53,4% y compris les centres équestres. Cette situation se comprendrait qu'au regard de l'importance du cheval, chaque individu préfèrerait s'approprier un animal, pour éviter de solliciter les animaux appartenant à une tierce personne. C'est dans le même sens que Mario (1998), mentionnait que le cheval est le bien le plus précieux que puisse posséder un être humain. Toutefois, la vente de chevaux dans cette région reste contrariée depuis quelques années par des élites fortement influençant qui s'opposent à la commercialisation des chevaux pour l'alimentation humaine et, emploient fréquemment des méthodes peu orthodoxes pour empêcher les ventes des chevaux au niveau des marchés à bétail. Sous un autre plan, le logement conventionnel réservé à l'élevage de chevaux est quasi inexistant pour la plupart des chevaux, exception faite à l'unique bâtiment aménagé et transformé pour accueillir les chevaux du MINEPIA à la SODEPA. Ce résultat corrobore l'hypothèse de Pereira (2002) en France pour qui ce type d'éleveurs est qualifié tout simplement d'amateurs. Concernant le système d'élevage et l'alimentation, Mohamadou (2006) pour sa part en plus de faire le même constat, précisait que l'alimentation des chevaux élevés en système extensif deviendrait de plus en plus insuffisante en qualité et en quantité ; cette situation entraine une incidence négative sur les performances de croissance et de reproduction, voire sur la santé des animaux. Néanmoins, dans ces conditions difficiles, les chevaux réussissent à valoriser à bon escient les ressources végétales environnementales, pour produire une valeur (Micol *et al.,* 1997). Par ailleurs, les facteurs majeurs qui menacent l'évolution des cheptels sont les maladies, le vol, les accidents (avortements, tonnerre…) et l'insuffisance de fourrage. Ce constat se rapproche de celui de Mohamadou (2006) pour qui les maladies et l'alimentation seraient des facteurs limitant de l'élevage du cheval. Ces facteurs seraient la conséquence même de la conduite des animaux en liberté permanente, car dans les systèmes plus améliorés où certaines conditions sont contrôlées, ces causes sont significativement réduites. Pour ce qui est des mesures sanitaires pratiquées par les éleveurs de chevaux, il ressort du tableau 2 que, la médecine conventionnelle se joint étroitement à la médecine traditionnelle pour l'éradication des maladies qui freinent l'accroissement des élevages de chevaux. L'analyse de ces résultats montre le faible taux de traitement traditionnel, preuve qu'il y'a abandon progressif des méthodes traditionnelles de traitement pour des produits de la médecine moderne ou conventionnelle. Toutefois, l'éloignement des Centres zootechniques Vétérinaires (CZV), l'insuffisance du personnel vétérinaire en milieu rural et le coût élevé des produits vétérinaires, obligeraient les éleveurs à administrer des produits/médicament pas toujours appropriés (DREPIA, 2012). Concernant la taille des troupeaux, les résultats sont contraires à ceux de Mohamadou (2006) où 48,8% des propriétaires possédaient entre 1 et 5 chevaux, 18,6% entre 6 et 10 chevaux, 14,0% entre 11 et 15 chevaux et 18,6% de propriétaires avaient plus de 15 chevaux. L'on remarqueque les effectifs de chevaux sont en pleine évolution ;cette augmentation des effectifs de troupeaux serait due à l'apport substantiel fourni par les

chevaux pour supporter les charges familiales. Concernant les difficultés qui limitent le développement de l'élevage du cheval (tableau 3),ces résultats ont également étédécrits pour les élevages de bovins (Mouotie, 2006 ;Wamba, 2012) et de petits ruminants (Njiki, 2011 ; Wikondi 2011). Ces problèmes se justifieraient par le système d'élevage pratiqué, la pauvreté des pâturages, la mauvaise organisation des éleveurs, l'insuffisance des services d'encadrement et le désintéressement des pouvoirs publics.

Conclusion :

De l'étude portant sur les caractéristiques socioéconomiques et techniques des élevages équins dans la région du Nord-Ouest, il ressort que : sur le plan social, l'élevage du cheval est pratiqué principalement par des hommes adultes, mariés et polygames appartenant à l'ethnie Bororo. Une forte proportion d'éleveurs est analphabète et amateur à l'activité chevaline, bien qu'ayant une ancienneté de plus de 20 ans. Les effectifs sont en pleine croissance avec la population humaine, chacun voulant posséder son moyen de transport qu'est le cheval pour le déplacement des biens et des personnes. Sur le plan technique, les animaux sont permanemment en divagation et sans logement, se nourrissant ainsi des pâturages naturels et s'abreuvant dans des points d'eau libre autour des concessions. Face aux pathologies, le comportement des éleveurs est différent même si pour la majorité, le personnel de santé animale intervient uniquement après échecs de leurs tentatives de traitement. Pour d'autres par contre, l'éloignement des services vétérinaires et l'insuffisance du personnel les obligent à prendre d'autres options. Les difficultés majeures telles que les maladies, l'absence de marché et les vols limiteraient considérablement.

En somme, le bilan diagnostic du secteur de l'élevage équin de la Région du Nord-Ouest a montré que malgré le niveau appréciable de la production, plusieurs caractéristiques socio-économiques et techniques influencent l'activité. L'impact des facteurs limitant est amplifié par un encadrement insuffisant des éleveurs, dus au faible nombre d'agents techniques dans la zone. Pour une amélioration des conditions de l'élevage et de l'exploitation du cheval, nous suggérons : l'organisation socioprofessionnelle par les pouvoirs publics de l'ensemble de la filière à travers la formation, la sensibilisation, l'encadrement technique des éleveurs, ainsi que la création des marchés de chevaux et la commercialisation des produits connexes ; l'orientation des programmes de recherche vers la biotechnologie alimentaire et génétique, la reproduction et la protection sanitaire des races chevalines présentes, permettront d'approfondir certaines connaissances sur le cheval dans le pays.

La relance des activités hippiques par le secteur privé, en particulier les courses de chevaux et l'intensification des investissements dans les centres équestres ou les haras, afin de promouvoir l'élevage du cheval.

Remerciements :

Nous remercions tous le personnel de la DREPIA et de la SODEPA pour les contacts, les conseils et leur disponibilité, ainsi qu'à tous les propriétaires de chevaux du Nord-Ouest sans lesquels ce travail n'aurait été possible.

Références :

Chauvet G, 2012. Méthodes et sondage : notes de cours. ENSAI. 288p

Délégation Régionale de l'Elevage, des Pêches et des Industries Animales (DREPIA) du Nord-Ouest, 2012. Rapport d'activités annuelles. Nord-Ouest Cameroun. 145p.

Krzmic, 2012. Projet de valorisation des chevaux : Région Paca, Maison régionale de l'élevage. France. 6p

Mario JA, 1998. Roots of violence: A history of war in Chad, Routledge Coll, "War and Society", Vol 4, 202p.

Micol D, Martin-Rosset W, Trilaud-Geyl C, 1997.

Systèmes d'élevage et d'alimentation à base de fourrages pour les chevaux. INRA Prod. Anim, Vol 10 (5), 363 - 374

MINEPIA, 2012. Rapport annuel. Division des Etudes, de la Planification, de la coopération et des Statistiques. Cameroun-Yaoundé. 137p.

Mohamadou, 2006. Elevage du cheval au Cameroun. Première partie : Généralités. Thèse de Docteur vétérinaire équin, EISMV, Dakar. 34p.

Moumini B, 2005. Evolution et situation actuelle de l'élevage au Cameroun : Rapport de synthèse. MINEPIA- Cameroun. 42p

Njiki E, 2011. Caractéristiques socio-économiques de l'élevage de petits ruminants dans les départements de la vallée du Ntem et de la Mvila (Sud- Cameroun). Mémoire d'Ingénieur Agronome, Université de Dschang, FASA. 105p.

Pagot J, 1985. L'élevage en pays tropicaux. Paris, France, Editions Maisonneuve et Larose, ACCT. 526p.

Pereira HC, 2002. Marketing et management de l'équitation : suivi de l'élevage et commercialisation du cheval de selle à la fin du XXe siècle. Editions L'Harmattan. 133p.

Wamba B, 2012. Caractéristiques socio-économiques et techniques des bovins à viande dans le département de la Momo. Mémoire d'Ingénieur Agronome, Université de Dschang, FASA. 95p.

Wikondi J, 2011. Caractéristiques socio-économiques de l'élevage de petits ruminants dans les départements du Mayo-Danay (Extrême-Nord Cameroun). Mémoire d'Ingénieur Agronome, Université de Dschang, FASA. 81p.

Yendji B, 2000. Caractéristiques socio-économiques et techniques d'élevage bovin sur les Hautes Terres de l'Ouest Cameroun : cas du département de la Menoua. Mémoire d'Ingénieur Agronome, Université de Dschang, FASA. 102p.

BIODIVERSITÉ DES ÂNES (EQUUS ASINUS) DANS LA ZONE SOUDANO-SAHÉLIENNE DU TCHAD : RÉGION DU CHARI-BAGUIRMI

Tebourdanne G P, Meutchieye F et Manjeli Y
Département des Productions Animales, Faculté d'Agronomie et des Sciences Agricoles,
Université de Dschang-Cameroun

Résumé

La présente étude, menée entre octobre 2014 et janvier 2015 dans la Zone Soudano-Sahélienne du Tchad (Région du Chari-Baguirmi) avait pour objectif général de contribuer à une meilleure connaissance de la biodiversité des ânes en vue d'améliorer leur préservation et leur amélioration génétique. A cet effet, un échantillon de 245 ânes adultes (101 mâles et 144 femelles) choisis au hasard dans huit localités de la région du Char-Baguirmi a été observé. Les principaux résultats montrent qu'il existe une diversité phanéroptique, et que la robe grise est dominante (60%), suivie de la robe baie (11,02%), rouan (8,57%). Pour les mensurations corporelles, les moyennes enregistrées ont été : la hauteur au garrot (95,83 ± 0,44 cm), la longueur scapulo-ischiale (99,83 ± 0,65 cm), le périmètre thoracique (105,48 ± 0,71 cm). Le poids vif moyen des ânes adultes était de 130,42 ± 2,08 Kg. Le coefficient de variation (CV) était en général faible (inférieur à 25 %). L'équation linéaire (PV = 2,28 PrT – 109,6) à cause de sa simplicité et de son coefficient de détermination plus élevé (R2 = 0,80) semblait mieux indiquée pour la prédiction du poids vif. Les ânes de la région d'étude mériteraient un approfondissement de leur caractérisation par d'autres moyens disponibles.

Mots clés : Ane, diversité, indices biométriques, Chari-Baguirmi, Tchad.

DONKEY (EQUUS ASINUS) BIODIVERSITY IN THE SUDANO-SAHELIAN ZONE OF CHARI-BAGUIRMI, CHAD

Abstract

This study, which was conducted between October 2014 and January 2015 in the Sudano-Sahelian zone of Chad (Chari-Baguirmi Region) had the overall objective of contributing to a better understanding of donkey biodiversity for preservation and genetic improvement. For this purpose, a sample of 245 adult donkeys (101 males and 144 females) randomly selected from eight communities in the Char-Baguirmi region was subjected to observation. The main results revealed a phaneroptic diversity, the gray coat being dominant (60%), followed by the reddish brown (11.02%), and roan (8.57%). For body measurements, recorded averages were: height at withers (95.83 ± 0.44 cm), scapular-ischial length (99.83 ± 0.65 cm); chest girth (105.48 ± 0.71 cm). The average live weight for adult donkeys was 130.42 ± 2.08 kg. The coefficient of variation (CV) was generally low (below 25%). The linear equation (PV = 2.28 PrT - 109.6), because of its simplicity and higher coefficient of determination (R2 = 0,80) seemed more appropriate for predicting live weight. Donkeys in the study area need in-depth characterization by other means available.

Keywords: donkey, diversity, biometric indexes, Chari-Baguirmi, Chad

Auteurs Correspondants : tebourdanne@yahoo.fr et fmeutchieye@gmail.com

Introduction

L'âne commun (Equus asinus) a été domestiqué dans la vallée du Nil vers 5000 ans av. J-C. (Digard et al, 2009). Depuis sa domestication, il est utilisé comme un animal de transport et un outil agricole au service de l'homme. Dans divers pays, il remplit à moindre coût les mêmes fonctions que celle du Cheval. Les paysans les plus pauvres le préfèrent au cheval, car il se contente de peu sur le plan alimentaire, d'où son surnom « cheval du pauvre ». La population asine ne présente pas une répartition homogène dans le monde. La plupart des ânes vivent dans les régions semi-arides et montagneuses. Si la population asine mondiale est en croissance depuis les années 1960, il existe de grandes différences en fonction des pays (Kugler et al, 2008). Certains présentent des augmentations significatives alors que d'autres montrent plutôt une importante diminution. L'Afrique présente ainsi une croissance de sa population asine assez forte, alors que l'Europe a vu la sienne décroître très fortement. Le cheptel asin mondial a été estimé à 44 millions en 1996[] et à 41 millions en 2006 [(Starkey et al, 2008).]Au Tchad, à l'instar des autres pays en voie de développement, l'élevage des ânes est pratiqué pour le transport, le labour, la viande, l'exportation à des fins commerciales vers les pays voisins (Yosko et al, 2004). Sa population était estimée à 430 000 têtes en 2009 ; son élevage est pratiqué dans presque toutes les régions du Tchad avec une forte densité dans les zones agro-écologiques du Centre, de l'Est et du Nord (PNDE, 2009). Malgré son utilité multiforme dans le pays, l'élevage des ânes est relégué au dernier rang et aucune étude n'a été menée sur son système d'élevage, ses paramètres génétiques et ses performances zootechniques. Ces caractéristiques qui se révèlent d'une importance capitale pour le développement du secteur semblent être indispensables pour la mise sur pied d'un programme de préservation et d'amélioration génétique de cette espèce. D'où l'objectif général de l'étude qui est de contribuer à une meilleure connaissance des ânes en vue de leur préservation et de l'amélioration de leur productivité dans la région du Chari-Baguirmi en particulier et au Tchad en général. Nos objectifs spécifiques étaient décrire la biodiversité morphobiométriques des ânes, de déterminer les coefficients de corrélation entre les mensurations, d'établir les équations de prédiction du poids vif à partir des mensurations, ensuite, d'estimer les indices biométriques des ânes ainsi que les corrélations entre ces indices et enfin d'analyser la variabilité génétique, la structure de la population et les relations génétiques entre les populations des ânes dans la Zone Soudano-Sahélienne du Tchad.

Matériels et méthodes

Localisation et données climatiques de la zone d'étude

Les travaux ont été conduits dans la Zone Soudano-Sahélienne du Tchad dans la région du Chari-Baguirmi (figure 1). Elle est située entre 9o 90' et 11o 70' de Latitude Nord et 15o 50' et 17o 10' de Longitude Est. Le climat y est de type sahélo-soudanien. La pluviométrie varie entre 600 et 800 mm par an et est caractérisée par une saison sèche de novembre à avril et une saison de pluie de mai à octobre. Les températures varient de 20o C à 45o C. L'humidité de l'air atteint un maximum en août (80%) et un minimum en mars (25%) avec des valeurs moyennes annuelles de 50% (Oxfam, 2010). La végétation naturelle est constituée des espèces caractéristiques des climats arides et subarides (FAO, 1999).

Matériel animal et échantillonnage

Huit localités ont été choisies dans deux Départements de la région du Chari-Baguirmi dont cinq dans le département du Baguirmi et trois dans le département du Chari. Les critères de choix de ces localités ont porté principalement sur l'existence de l'élevage des ânes et à l'accessibilité à ces zones. Un échantillon de 245 ânes adultes dont 144 femelles et 101 mâles a été observé (tableau 1).

Collectes des données

Les données morphologiques ont

été basées sur celui de l'approche élaborée par Lauvergne (2000) et adaptée par la FAO (2013). L'âge a été donné par l'éleveur puis complété par l'observation de la dentition selon la méthode de FAO (2013).

Mensurations étudiées chez les ânes

La prise des différentes mensurations corporelles a été réalisée selon les méthodes standards (figure 1). Les mensurations circulaires ou droites ont été prises avec un mètre-ruban ou avec une toise. Le poids vif a été estimé à partir de la formule de Tamador et al, (2011) :

$$PV = (HG - HSC) \times PT \times LSI/3500$$

Analyses statistiques

La statistique descriptive a été utilisée pour décrire la morphobiométrique des ânes et l'ANOVA a été utilisée pour tester l'influence des facteurs (sexe, âge, interaction, localités) sur les mensurations et les indices biométriques. Cependant, les effets du sexe, de l'âge et les interactions n'ayant pas été significatifs, le modèle utilisé a été le suivant :

$$Y_{ij} = \mu + L_i + e_{ij}$$

Y_{ij} : mensuration ou l'indice pris sur le ième individu dans la jème localité ;

μ : moyenne de la population ;
L_i : effet de la localité ; i variant de 1 à 8 ;

e_{ij} : effet propre à chaque animal (erreur résiduelle).

Pour séparer les moyennes, lorsque le facteur localité était significatif, le test de Duncan a été utilisé. Le sens et le degré d'association entre caractères ont été testés par les coefficients de corrélation de Pearson. L'ensemble de ces différentes analyses statistiques a été réalisé à l'aide des logiciels SPSS 21.0 et XLSTAT 2014.

Résultats

Biodiversité morphobiométriques des ânes

La répartition des robes en fonction des localités dans la Région du Chari-Baguirmi fait ressortir une grande variabilité (tableau 2). Il en ressort que la robe grise est dominante (60%) suivie de la robe baie (11%), de la robe rouanne (8,60%), de la robe noire (6,12%) et de la robe souris (5,31%). Les différentes robes ont été détectées au moyen d'une échelle visuelle préalablement élaborée (figure 3).

Biodiversité biométrique

L'analyse de la variance montre que la hauteur au garrot, la longueur scapulo-ischiale et le poids vif ont été significativement influencés par les localités ($p<0,05$) alors que le périmètre thoracique n'a pas été influencé par les localités ($p > 0,05$). Il ressort des analyses (tableau 3) que les ânes sont plus homogènes dans la localité de Kournari que ce soit pour la hauteur au garrot, le périmètre thoracique, la longueur scapulo-ischiale ou du poids vif. Les ânes plus lourds sont obtenus dans la localité de Mandelia avec 148,82 ± 4,00 kg et les plus légers dans la localité de Dugoul-Ryade avec 114,33 ± 6,86 kg.

Equations barymétriques chez les ânes

Selon nos analyses, il est apparu que plusieurs formes d'équations sont enregistrées (tableau 5). Cependant, 3 équations avec des coefficients de détermination supérieurs ou égaux à (0,80) se sont distinguées. Au-delà de cette distinction, l'équation linéaire plus simple avec le coefficient de détermination faible (0,77) semble plus appropriée.

Discussion

Il ressort de ces résultats que la robe grise est dominante avec 60% des sujets étudiés comme celle trouvée par Ebangi et Vall, (1998) dans la zone soudano-sahélienne du Cameroun, suivie de robe baie et rouan. Ces résultats confirment donc la diversité de la robe chez les ânes mentionnée par Yilmaz et al, (2011). Cependant la fréquence des robes grises (60%)

et baie (11%) sont plus importantes dans notre échantillon par rapport aux fréquences trouvées par Yilmaz et al, (2011) : gris (31,4%) et baie (14,7%). La diversité des robes serait due à la migration des ânes à travers le continent et à une expression des mutants expressifs compte tenu du milieu écologique (Kefena et al, 2011). Ceci pourrait également expliquer par l'effet de la sélection naturelle ou de l'intervention de l'éleveur à travers les croisements. La hauteur au garrot moyenne des ânes du Chari-Baguirmi de 95,83±0,44 cm. Cette taille est inférieure à celles trouvée dans les études de Yilmaz et al, (2011) sur la population d'âne de Turquie (102,3 cm) et les ânes de Maroc, qui se situent dans l'intervalle (82-103,29 cm) selon Pearson et Ouassat (1996). Cette moyenne se rapproche des valeurs de 98,05 cm pour des ânes du Nord Cameroun (Ebangi et Vall, 1998) et à celle de 98,20 cm de ceux du Sénégal (Rakiswendé, 2014). Mais elle est légèrement inferieure aux valeurs rapportés par Wilson (1990) sur les ânes de Zimbabwe (105 cm) et ou d'apres Barzev (2004) des ânes de Bulgarie (100-120 cm). La longueur scapulo-ischiale moyenne est de 99,83±0,65 cm avec un CV de 10,19%. Pearson et Ouassat, (1996) dans leur étude au Maroc sur les ânes, ont rapporté des longueurs du corps comprise entre 64 à 106 cm et qui confirment nos résultats. Mais nos résultats sont inférieurs à ceux de Yilmaz et al, (2011) sur les ânes de Turquie (105,20 cm) et Ebangi et Vall, (2005) sur les ânes du Nord Cameroun (110,19 cm). Le périmètre du thorax moyen de l'âne du Chari-Baguirmi est de 105,48±0,71 cm. La moyenne du pourtour thoracique (113,50 cm) de l'âne de Turquie rapporté par Yilmaz et al, (2011) s'éloigne de nos résultats. Par contre nos résultats sont comparables à ceux trouvés au Nord du Cameroun par Ebangi et Vall (1998) (107,53 cm). La moyenne générale du poids vif des ânes de la région du Chari-Baguirmi est de 130,42 ± 2,08 kg avec un C V de 24,91%. Ce résultat corrobore avec celui trouvé par Ebangi et Vall (1998), dans la zone soudano-sahélienne du Cameroun (132,5 ± 2,3 kg chez la femelle et 123,2 ± 2,1 kg chez le mâle). Mais supérieur au poids vif moyen (114,02 ± 22,80kg) des ânes du Burkina Faso (Salifou, 2014) et au poids vif moyen (123,80 ± 22,10 kg) des ânes du Sénégal (Rakiswendé, 2014). Cependant très inférieur aux poids vifs (350 kg à 500 kg) de Poitou (Audiot, 1956 ; Raveneau et Daveze, 1996). Le coefficient de détermination (R2) varie de 0,69 à 0,83 comparativement au résultat trouvé par Ebangi et Vall (1998) (R2 = 0,84) chez les ânes dans la zone Soudano-Sahélienne du Cameroun. L'équation linéaire par sa simplicité (PV = 2,28PrT – 109,6) explique mieux la relation entre le périmètre du thorax et le poids vif.

Conclusion

Cette étude a permis de mettre en évidence une diversité morphobiométrique au sein de la population d'ânes de la Région du Chari-Baguirmi. Toutefois, il serait intéressant d'élargir l'étude de la biodiversité sur l'étendue du territoire national du Tchad, et d'en comprendre les influences des modes d'exploitation. Toujours en rapport avec les analyses génétiques, l'application des techniques moléculaires associées aux performances diverses devraient être envisagée dans les meilleurs délais.

Références

Audiot A, 1977. Le Baudet du Poitou et la production mulassière, Mémoire de fin d'études. France: ESAP/ INRA.

Barzev G, Yuseinov Y, 2004. Various types of horses used for work in Bulgarian forestry. Trakia Journal of Sciences, Vol. 2, No 2, 35-37.

Digard J-P, 2009. L'Homme et les animaux domestiques : Anthropologie d'une passion, France : Fayard.

Ebangi AL, Vall E, 1998. Phenotypic characterization of draft donkeys within the Sudano-Sahelien zone of Cameroon. Revue d'Elevage et Médecine Vétérinaire Pays tropicaux, 51(4) : 327-334.

FAO, 2013. Caractérisation phénotypique des ressources génétiques animales Rome : FAO/ CEEMAT

Kefena E, 2011. Eco-geographical structuring and morphological diversities in Ethiopian donkey populations: Livestock Science. 141(2): 232-241.

Lhoste P, 2010. Manuel de traction animal moderne. Projet BIOTACC.

Pearson RA, Ouassat M, 1996. Estimation of the live weight and Body Condition of Working Donkeys in Morocco. Veterinary Record. 154: 85-88

Rakiswendé RC, 2014. Caractérisation morphobiométrique et biochimique des ânes (Equus asinus) du Sénégal. Dakar, Sénégal : Thèse Doctorat. Université Cheik Anta Diop, EISMV.

Raveneau A, Daveze J, 1997. Le livre de l'âne, son histoire, sa famille, son éducation, toute sa vie. Paris, France: Edition Rustica.

Salifou K, 2014. Caractérisation morphobiométrique et biochimique des ânes (Equus asinus) du Burkina-Faso. Dakar, Sénégal : Thèse Doctorat. Université Chek Anta Diop, EISMVT.

Wilson SK, Michael RC, Charlotte AS, 2006. Concepts of Genetics, 8th edition. Nouveaux Horizons.

Yilmaz L, Ertu–rul M, 2012. The Morphologic Traits of Donkeys Raised in East and Southeast of Turkey. Araştırma Makalesi / Research Article I-dırÜni. Fen BilimleriEnst. Der. / I-dır Univ. J. Inst. Sci. & Tech. 1(2): 113-116.

Yosko I, Zinsstag J, 2004. Pastoralisme nomade et santé au Tchad Med. Trop ; 64 : 449-451

CARACTÉRISATION BIOMOLÉCULAIRE ET STRUCTURE DE LA POPULATION DES COBAYES DE LA ZONE AGRO-ÉCOLOGIQUE À PLUVIOMÉTRIE BIMODALE DU CAMEROUN

Poutougnigni M Y, Meutchieye F, Ayagirwe R B B and Manjeli Y
Department of Animal Production, FASA-University of Dschang/ P.O Box: 188 Dschang – Cameroon;
(*) Université Evangélique d'Afrique Centrale

Résumé :

En vue de caractériser la diversité génétique des populations de cobayes domestiques (Cavia porcellus) dans la région agro-écologique du Cameroun, un panel de16 marqueurs microsatellites ont été utilisés. L'ADN génomique provenait de 110 prélèvements sanguins obtenus chez des animaux non apparentés des élevages accessibles de la région d'étude, en tenant compte de deux groupes selon les origines, soit le Centre et l'Est. Nos résultats ont montré que les marqueurs microsatellites étaient très polymorphiques. Il a été observé une déviation à l'équilibre de Hardy Weinberg, à l'exception du marqueur Cavy 4. Un total de 11 allèles a été identifié dans les 12 sous populations, soit 5,15 dans le groupe de l'Est et 5,54 pour le groupe du Centre. Tous les locus ont été hautement polymorphiques (100%). Selon les analyses, 3% de la diversité génétique observée serait due aux différences entre sous populations, cependant que 35% de la même diversité serait due aux différences intra sous-populations et 62% aux différences entre individus de la population totale. La distance génétique entre les deux sous populations étaient relativement faible (0.041) et suggérerait une séparation relativement récente. La consanguinité était très importante, 28,5% et 33,3%, respectivement pour les sous populations de l'Est et du Centre. L'hétérozygotie variait entre 0,446± 0,071 pour l'Est 0,510 ± 0,062 pour le Centre. L'index de fixation variait entre 0,393 ± 0,069 et 0,285 ± 0,089, respectivement pour le groupe du Centre et de l'Est. L'arborescence phylogénétique et la structure de la population totale ont fait apparaitre 3 sous populations génétiques distinctes dans la région agro-écologique bimodale du Cameroun. Ces résultats préliminaires ouvrent des voies pour des schémas d'amélioration génétique du cobaye domestique au Cameroun.

Mots clés: Diversité génétique, Cobayes, Microsatellites, Cameroun.

BIOMOLECULAR CHARACTERIZATION AND STRUCTURE OF CAVY POPULATION IN THE BIMODAL RAINFALL AGRO-ECOLOGICAL ZONES IN CAMEROON

Abstract

To characterize the genetic diversity of domestic cavies (Cavia porcellus) populations in Cameroon agro-ecological region, a panel of 16 microsatellite markers was used. Genomic DNA was from 110 blood samples obtained from unrelated animals from accessible farms in the study area, taking into account two groups according to their origin - either the Centre or the East. Our results showed that microsatellite markers were highly polymorphic. A deviation from Hardy-Weinberg's equilibrium was observed, except for Cavy 4 marker. A total of 11 alleles was identified in 12 sub-populations, that is 5.15 in the East group and 5.54 in the Centre group. All loci were highly polymorphic (100%). According to analyses, 3% of genetic diversity observed was reportedly due to differences among sub-populations, while 35% of the same diversity was due to differences within subpopulations, and 62% to differences between individual animals of the total population. The genetic distance between the two sub-populations was relatively small (0.041) and suggest a relatively recent separation. Inbreeding was significant, i.e. 28.5% and 33.3% for the East and Centre sub-populations respectively. Heterozygosity ranged from 0.446 ± 0.071 for East group to 0.510 ± 0.062 for Centre group. Fixation index ranged from 0.393 ± 0.069 and 0.285 ± 0.089, for the Central and

Auteur correspondant : poutougnigni2005@yahoo.fr

Eastern groups respectively. The phylogenetic tree and the population structure revealed 3 distinct genetic populations in the bimodal agro-ecological region in Cameroon. These preliminary results pave the way to genetic improvement scheme for domestic guinea pigs in Cameroon.

Keywords: Genetic Diversity, Guinea Pigs, Microsatellites, Cameroon

Introduction

Dans la plupart des pays en développement, l'élevage de cobaye est en plein essor probablement à cause de nombreux avantages liés à ce petit herbivore : son élevage exige peu de capitaux, il fournit une viande de bonne qualité, qui renferme 20,3% plus de protéines et 7,8% moins de graisse tendre (Numbela et Valencia, 2003) que les viandes conventionnelles (Huss et Roca, 1982). Le cobaye est précoce, très prolifique, son alimentation est peu coûteuse, son élevage requiert un faible investissement en temps et argent, et la petite taille de l'animal est un atout incontestable puisque son élevage exige peu d'espace (Thys, 2001). Au Cameroun, le cobaye Cavia porcellus est traditionnellement élevé comme animal de boucherie sur les hautes terres de l'Ouest Cameroun et dans la zone forestière à pluviométrie bimodale du Sud (Ngou Ngoupayou et al, 1994) où il joue pour 87% des éleveurs, un rôle important pour les rites coutumiers de loin supérieur à sa valeur économique: les cobayes sont utilisés pour les sacrifices, comme le sont les poules locales dans les hauts plateaux de l'ouest et les petits ruminants dans les savanes du nord (Ngou Ngoupayou et al, 1994). Malgré son rôle socioéconomique, aucune étude n'a été menée jusqu'ici sur la diversité génétique des cobayes de la zone forestière à pluviométrie bimodale du Cameroun en vu d'améliorer la gestion de son élevage. Par conséquent, l'objectif de la présente étude est d'établir le niveau de variabilité génétique et la structure génétique en vue d'une meilleure connaissance du cobaye camerounais pour une meilleure valorisation.

Matériels et méthodes

Site de l'étude

La zone d'étude s'étend sur la majeure partie du plateau sud-camerounais entre 500 et 1000 m d'altitude. La température moyenne annuelle est de 25°C et une hygrométrie variant de 99,6% à 100%. Elle reçoit en moyenne 2000 mm d'eau annuellement et couvre les régions du Centre du Sud et de l'Est –figure 1.

Echantillonnage

En l'absence d'une base de données sur les éleveurs de cobaye au Cameroun, l'échantillonnage a été conduit en utilisant un model non-probabilistique appelé méthode « boule de neige » (Salganik et Heckathorn, 2004). La disponibilité des éleveurs et l'accessibilité aux élevages ainsi que la variabilité phénotypique ont été déterminants dans le choix des animaux. Les échantillons de sang ont été prélevés au niveau du pavillon de l'oreille sur 110 animaux adultes ((Ekkers, 2009 ; Metre, 2012) comme suggéré par Nei et Roychoudhury (1974) et Nei (1978) et dans diverses localités (tableau 1).

Amplification de l'ADN

L'ADN a été extrait des cartes FTA à l'aide du protocole d'extraction d'ADN élaboré par BecA-ILRI Hub. La concentration de l'ADN du mélange ainsi que son évaluation qualitative et quantitative ont été effectuées grâce au nanodrop sur spectrophotomètre JENWAY GENOVA. Une dilution avec l'eau triple distillée a été faite pour avoir des échantillons avec une concentration d'environ 40ng/µl, et gardée à une température de 4°c avant d'être envoyé au laboratoire pour le genotypage. Un jeu de 16 marqueurs (tableau 2) pour les loci étudié, tel que décrits par Spotorono et al (2004), Kanitz et al, 2009 et Burgos et al, (2011) a été utilisé. L'amplification par PCR a été conduite en

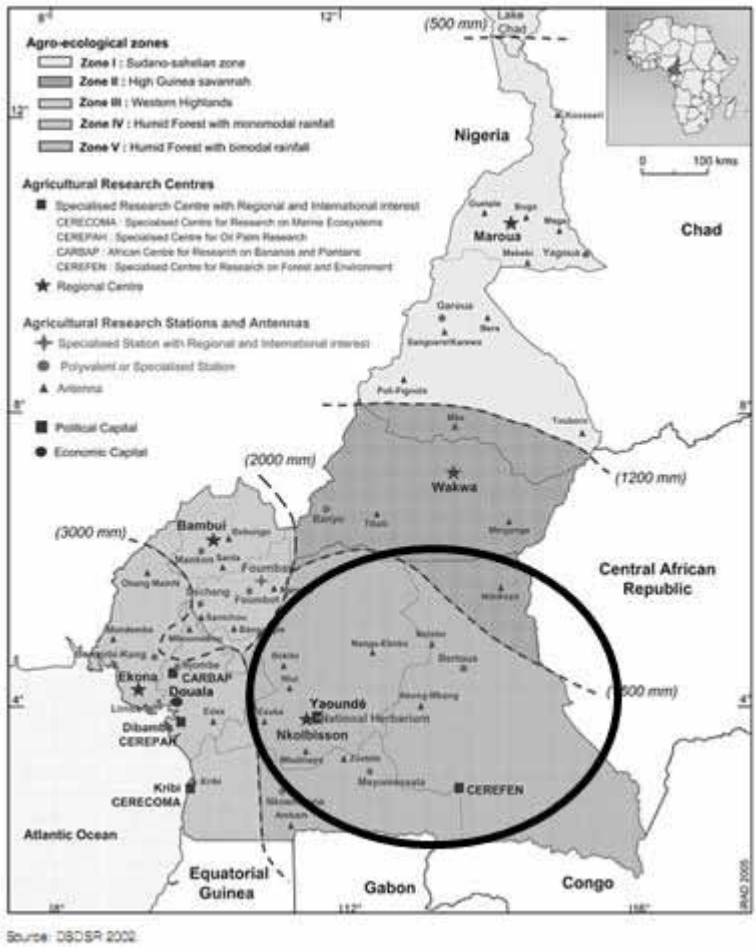


Figure 1 : Zone d'étude

Tableau 1: Répartition des animaux par sexe et par département

	Sous Régions		
Sexe	**Est**	**Centre**	**Total**
Femelle	49	38	87
Mâle	13	10	23
Total	62	48	110

utilisant un volume total de 10 µl avec 2ng de DNA matrice ; 0,2 µl d'amorces sens et inverse ; 10xtampon ; 0,2 µl de chaque dNTP et 0,08 µl de taq polymerase (5U/ µl). Les marqueurs ont été amplifiés en utilisant le Kit Qiagen Multiplex pour PCR dans les conditions suivantes : une première dénaturation à 95 °C pendant 3 min suivie de 35 cycles successifs, chaque cycle comprenant une succession de trois phases: une dénaturation à 94 °C pendant 45 sec, une phase d'hybridation à la température de 60°c pendant 30s et une élongation à 72 °C pendant 1 min. Enfin, une dernière étape d'élongation à 72 °C pendant 20 min est programmée et une phase de refroidissement à 20°C. Le produit de l'amplification a été évalué par une migration sur gel d'agarose à 1,5%. Les genotypes individuels ont été determiné par un analyseur génétique ABI et GeneMapper ver 4.0 (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA)

Analyses statistiques

La diversité génétique au sein de la population de cobaye été analysée à deux niveaux : la variabilité intra population et la variabilité inter population. Le but de cette approche était de caractériser à l'aide d'un ensemble de paramètres la variabilité de la population de cobaye et la proximité génétique des populations. Lesgénotypesobtenusontétéanalyséspour estimer les paramètres de polymorphisme suivants: la fréquence allélique (Af) aux loci microsatellites, la richesse allelique (Ar), nombre effectif d'allèles (Ae) l'hétérozygotie observée (Ho) et l'hétérozygotie attendue (Ha), la diversité génétique non biaisée (UHe), le nombre moyen d'allèle par locus (Na). Ces parametres ont été estimés à l'aide du logiciel GenAlex 6.4 (Peakall and Smouse, 2012). Le Contenu d'Information Polymorphique (PIC) selon Botstein et al, (1980) a été évalué à l'aide du logiciel Cervus 3.0.3 (Kalinowski et al, 2007). Le logiciel Power marker version 3.25 (Liu et Muse, 2005) a été utilisé pour faire le test de conformité à l'équilibre de Hardy-Weinberg par locus et par sous-population. Les distances génétiques DA (Nei et al, 1983) de Nei entre les sous-populations ont été calculées selon l'approche classique basée sur les fréquences alléliques dans chaque population (Nei, 1972 ; Nei 1978 ; Nei et al, 1983) à l'aide du logiciel GenAlex 6.41 (Peakall and Smouse, 2012). L'étendue de la différentiation génétique a été déterminée à l'aide de la statistique FST. Le logiciel FSTAT V.2.9.3 a servi à déterminer les statistiques FIS, FIT et FST (Weir et Cockerham, 1984). Un dendrogramme. montrant les relations entre les sous populations a été construit par la méthode du 'neighbor-joining' (Saitou et Nei, 1987) sur la base des distances génétiques DA calculées entre les individus comme proposé par Felsenstein (2005) à l'aide du logiciel Darwin version 5.0.155 (Perrier et al, 2006). L'analyse en Composante Principales (PCA) a été effectuée avec le logiciel GenAlEx 6.41 en utilisant les fréquences alleliques observées aux 16 loci microsatellites dans le but d'évaluer les relations génétiques entre les populations sur la base des fréquences alléliques. Le logiciel STRUCTURE a servi à établir la structure de la population (Hubisz et al, 2009). La méthode d'Evano et al, (2005) a permis de faire l'estimation du nombre de population.

Résultats

Polymorphisme des marqueurs

Des 16 marqueurs microsatellites utilisés dans cette étude, 13 marqueurs ont été jugés ayant le pouvoir de discrimination de la diversité génétique (tableau 2) et 3 n'ont pas eu ce pouvoir (Cavy 1, 13 et 14). Il en résulte un pouvoir de discrimination de 81,25%.

Diversité intra population et conformité à HWE

Un nombre total de 11 allèles a été observé dans la population totale (tableau 3). Ce nombre d'allèles varie de 5,15 à l'Est à

Tableau 2 : Pouvoir de discrimination de la diversité génétique des microsatellites dans la population totale

Marqueurs microsatellites	Populations	
	Centre	Est
Cavy 1	-	-
Cavy 2	*	*
Cavy 3	*	*
Cavy 4	*	*
Cavy 5	*	*
Cavy 6	*	*
Cavy 7	*	*
Cavy 8	*	*
Cavy 9	*	*
Cavy 10	*	*
Cavy 11	*	*
Cavy 12	*	*
Cavy 13	-	-
Cavy 14	-	-
Cavy 15	*	*
Cavy 16	*	*

** : marqueur ayant un pouvoir de discrimination de la diversité génétique*

- : marqueur n'ayant pas de pouvoir de discrimination de la diversité génétique

Tableau 3: Nombre d'allèles total (Na), nombre d'allèle efficace (Ne), hétérozygotie observée (Ho) et attendue (Ha), hétérozygotie observé non biaisée (Hnb), indice de fixation (F), taux de polymorphisme par population

Population		Na	Ne	Ho	Ha	Hnb	F	Polymorphisme
Centre (n=48)	Moyenne	5,538	2,496	0,317	0,504	0,510	0,393	100%
	Ecart type	0,475	0,375	0,047	0,061	0,062	0,069	
Est (n=62)	Moyenne	5,154	2,315	0,295	0,442	0,446	0,285	100%
	Ecart type	0,697	0,392	0,052	0,070	0,071	0,089	
Total (n=110)	Moyenne	5,346	2,406	0,306	0,473	0,478	0,339	100%
	Ecart type	0,415	0,266	0,034	0,046	0,046	0,056	

5,54 au Centre pour une moyenne de 5,346 dans la population totale. Le nombre d'allèle assez proche dans toute la population serait le reflet d'une absence de différentiation entre les populations du Centre et de l'Est. Par ailleurs, la taille de l'échantillon serait aussi à considérer. En effet la richesse allélique est connue pour dépendre de la taille de l'échantillon, puisque la chance d'observer un nouvel allèle augmente chaque fois qu'un nouvel individu est observé (Foulley et Ollivier, 2006). Les populations du Centre et de l'Est se sont révélées polymorphiques à 100%. Le nombre total d'allèle considérable et les valeurs élevées de polymorphisme obtenus suggèrent que les marqueurs utilisés dans cette étude sont informatifs et donc ces loci microsatellites sont efficaces pour l'analyse de la diversité génétique des populations de cobayes. Les taux d'hétérozygoties ont été calculés pour toutes les populations (Centre et Est) dans les conditions d'équilibre de Hardy-Weinberg. L'hétérozygotie attendue non biaisée (Hnb) varie de 0,446 ± 0,071 à l'Est à 0,510 ± 0,062 dans le Centre avec une moyenne de 0,478. Par ailleurs, elle est en général supérieure à l'hétérozygotie observée (0,306 ± 0,034), traduisant un écart positif, suggérant un déficit en hétérozygotes dans la population. Les indices de fixation positifs et respectivement de 0,393 ± 0,069 et 0,285 ± 0,089 dans la région du Centre et à l'Est traduisent aussi un déficit d'hétérozygotie. Dans la population globale, cet indice est de 0,339 ± 0,056. Il en résulte une perte de la variabilité génétique au cours des générations. La population totale a été en déviation par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg (tableau 4) à tous les loci étudiés à l'exception du locus cavy 4. Cependant, dans le Centre, l'on observe un équilibre aux loci 4, 11 et 12 tandis que cet équilibre est plus considérable à l'Est puisqu'il s'observe aux loci 2, 3,4 et 9. L'absence de consanguinité qui a été observée au locus cavy 4 pourrait être une conséquence de cette condition d'équilibre observée à ce locus. Le déséquilibre par rapport aux conditions de Hardy-Weinberg observé à tous les autres loci suggère que la structure de la population n'est plus homogène. En général,

Tableau 4: Test d'Equilibre de Hardy-weinberg

locus	Centre	Est
cavy2	44,3903***	0,0689ns
cavy3	48,0058***	0,0041ns
cavy4	3,3241ns	2,8843ns
cavy5	52,1530***	187,3504***
cavy6	119,8642***	138,8269***
cavy7	29,6574***	49,5530***
cavy8	71,0757***	44,6254***
cavy9	145,8343***	9,2281ns
cavy10	52,8946***	91,1483***
cavy11	30,6509ns	36,8745***
cavy12	21,9545ns	16,5213*
cavy15	73,6979***	14,7291**
cavy16	90,7377***	244,0060***

*ns =non significatif, * P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001*

Tableau 5: Fréquence des allèles, nombre de génotype, taux d'hétérozygotie, contenu d'information polymorphique et coefficient de consanguinité aux différents loci microsatellites

Marqueur	Fréquence des allèles (Fa)	Nombre de génotype (N)	Hétérozygotie	Contenu d'Information Polymorphique (PIC)	Coefficient de consan guinité
cavy2	0,91	5,00	0,08	0,16	0,50
cavy3	0,97	4,00	0,02	0,05	0,66
cavy4	0,81	5,00	0,38	0,32	-0,14
cavy5	0,88	8,00	0,11	0,22	0,52
cavy6	0,20	13,00	0,47	0,86	0,46
cavy7	0,35	6,00	0,48	0,70	0,36
cavy8	0,65	6,00	0,30	0,49	0,44
cavy9	0,52	7,00	0,41	0,48	0,28
cavy10	0,37	6,00	0,38	0,71	0,49
cavy11	0,60	7,00	0,49	0,57	0,18
cavy12	0,70	7,00	0,46	0,46	0,05
cavy15	0,49	6,00	0,29	0,50	0,50
cavy16	0,80	7,00	0,08	0,33	0,77
Moyenne	0,64	6,69	0,30	0,45	0,37

Tableau 6 : Statistiques F et flux migratoire des gènes

Locus	Paramètres de différentiation		flux migratoire	
	F_{ST}	F_{IS}	F_{IT}	N_m
cavy2	0,500	0,520	0,039	6,106
cavy3	0,680	0,686	0,016	15,025
cavy4	-0,154	-0,150	0,004	65,270
cavy5	0,494	0,499	0,008	29,850
cavy6	0,432	0,456	0,043	5,571
cavy7	0,333	0,354	0,032	7,670
cavy8	0,443	0,446	0,004	55,778
cavy9	0,277	0,291	0,020	11,992
cavy10	0,471	0,485	0,028	8,774
cavy11	0,162	0,186	0,029	8,409
cavy12	0,032	0,051	0,020	12,370
cavy15	0,498	0,504	0,012	20,069
cavy16	0,739	0,742	0,010	24,372
Mean	0,377	0,390	0,020	20,866
SE	0,069	0,068	0,004	5,309

F_{ST}=coefficient de différentiation, F_{IS} =Coefficient de consanguinité au sein de chaque population, F_{IT}=coefficient de consanguinité au sein de la population totale, N_m=taux de migration

un écart de Hardy-Weinberg peut se produire en raison du mélange des pools de gènes hétérogènes (Ferguson et al, 1996). Etant donné que les populations sont domestiquées, leurs parents ne peuvent pas être d'un même stock naturel. Un tel écart est le résultat d'un ou plusieurs des facteurs suivants (pressions évolutives): accouplement non aléatoires, changement aléatoire dans la fréquence des allèles dans une population (dérive génétique), la mutation, la migration et la sélection naturelle. La consanguinité pourrait être parmi les raisons majeures de ce déséquilibre.

Il ressort des observations (tableau 4), qu'un nombre total de génotype (N) de 87 a été observé au sein de la population de cobaye de la zone forestière bimodale. Cependant il varie de 4 à 13 avec une moyenne de 6,69 par locus. Les allèles 3 et 2 sont les plus fréquents dans la population avec pour fréquences respectives 97% et 91%. Le locus cavy 6 qui a le nombre de génotype le plus élevé (N=13) dans la population est par contre celui qui a la fréquence la plus faible (Fa=0,20). De tous les loci étudiés, la valeur de l'hétérozygotie du locus cavy 11 est la plus élevée (0,49), tandis que les loci cavy 2 et cavy 16 ont des valeurs de l'hétérozygotie les plus faibles (0,08). L'hétérozygotie moyenne de 0,30 nous montre que la diversité moléculaire du cobaye de la zone forestière bimodale du Cameroun est moyenne à faible et la consanguinité pourrait être l'une des principales raisons. Le PIC varie de 0,05 à 0,86, pour une moyenne de 0,45. Ceci signifie que les loci microsatellites sélectionnés ont une grande diversité et peuvent refléter les relations génétiques des différentes populations au niveau moléculaire. Le coefficient de consanguinité est négatif au locus 4 et atteint 0,77 au locus 16. En moyenne, il est de 0,37 dans la population totale. Ces résultats témoignent de la forte consanguinité de la population en étude.

F-statistiques de Wright et flux génétique (Nm)

Le coefficient de différentiation (tableau 6) entre population (FST) varie de -0,154 à 0,739 avec une moyenne de 0,377.

Tableau 7: Analyse de la variance moléculaire (AMOVA)

Source de variation	Ddl	SCE	CM	Var. mol Est.	% de variation
Entre populations	1	15,620	15,620	0,105	3
Entre individus d'une population	108	454,630	4,210	1,114	35
Entre individus	110	218,000	1,982	1,982	62
Total	219	688,250		3,201	100

Ddl: degré de liberté; SCE: somme des carrées des écarts; CM: carrée moyen;Var. mol Est : variance moléculaire estimée

Tableau 8: Distance et identité génétique de Nei

	Centre	Est
Centre	/	0,959*
Est	0,041	/

**valeur de l'identité génétique des populations*

Ce résultat signifie que 37,7% de la variabilité génétique est attribuée aux différences entre populations. Les valeurs en général positives du (FST) indiquent que la population est en déséquilibre de Hardy-Weinberg et présente un déficit en hétérozygotes sauf au locus cavy 4 dont la valeur négative (-0,154) indique l'absence de différentiation et donc son état d'équilibre (Wright, 1943). Il en ait de même pour le Coefficient de consanguinité au sein de chaque population (FIS) qui a varié de -0,150 à 0,742.Ces valeurs en général positives de FIS suggère aussi que les loci affichent un excès d'homozygotes et que les populations étudiées sont très consanguines. Il en est de même du niveau de consanguinité des différents loci au sein de toute la population, FIT variant entre 0,004 pour les loci cavy 4 et 8 à 0,043 pour le locus cavy 6, la moyenne de la population étant à 0,020. La valeur moyenne du FIT (0,020) étant plus faible que la valeur du FIS (0,390) montre que le niveau de consanguinité est plus élevé au niveau de chaque sous population qu'au niveau de la population totale. Les valeurs des paramètres de différentiation en général stipulent un net rapprochement entre les populations de cobayes du Centre et de l'Est. Ce phénomène de rapprochement suppose un flux génétique (échanges d'animaux) assez important entre les deux régions. Le flux de gène (Nm) entre les populations présente une valeur très élevée (20,87) traduisant un échange de gène assez important entre les deux populations, malgré la distance géographique qui les sépare. Ces valeurs très élevées de Nm confirme ceux de la différentiation génétique. Selon toujours nos analyses, il ressort qu'il existe une forte variabilité (tableau 7) entre individus au sein de la population totale (62%). De même cette variation est considérable entre les individus d'une sous-population donnée (35%). Cependant, entre les populations, il existe une certaine uniformité, telle que traduit le taux de variation entre populations assez faible (3%).

Relations génétiques entre les sous-populations

Les populations du Centre et de l'Est sont à près de 96% identiques (tableau 7). Elles sont très proches l'une de l'autre malgré la distance géographique assez considérable qui les séparent, d'où la faible distance génétique trouvée (0,041). Ce résultat suggère que les populations de l'Est et du Centre appartiennent à un même groupe génétique. Il est en conformité avec le résultat de la différentiation génétique et le flux génétique très élevé au sein de la population totale. Selon résultat de l'analyse en composantes principales (PCA) de la population étudiée (figure 2), les populations sont dispersées dans la zone. Il n'y a pas de limite distincte entre les populations de l'Est et du Centre, ce qui suggère une consanguinité considérable, cependant une certaine sous population semble s'isoler à l'Est. Cet isolement serait dû principalement à la distance géographique séparant les deux régions. Ce résultat renforce la faible distance génétique et l'identité des populations de l'Est et du Centre et suggère une origine commune des deux populations. Le regroupement dans l'analyse en composantes principales supporte

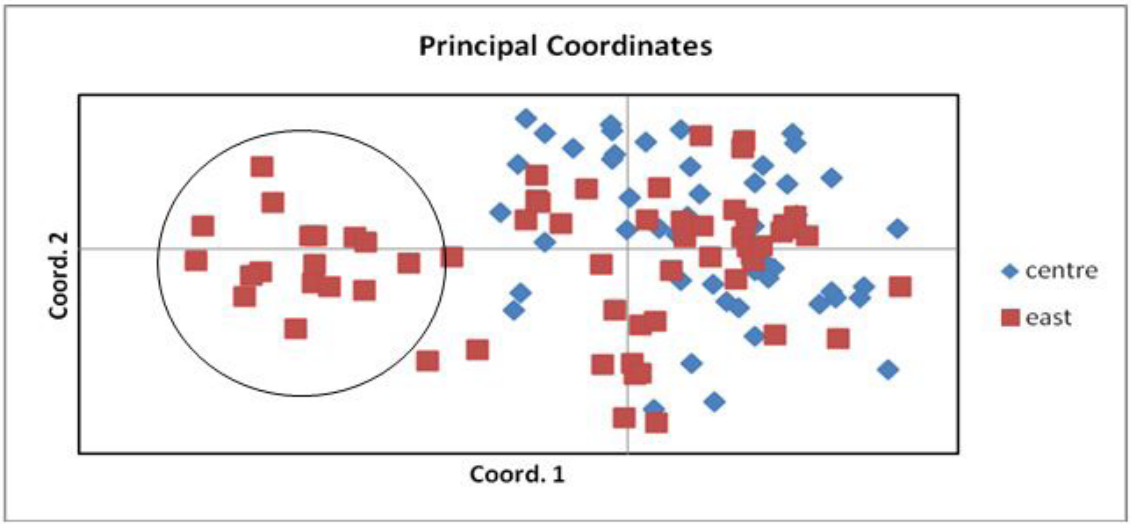


Figure 2: Analyse par coordonnées principales

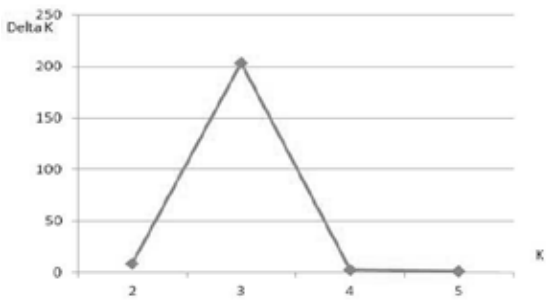


Figure 3 : Courbe d'Evanno

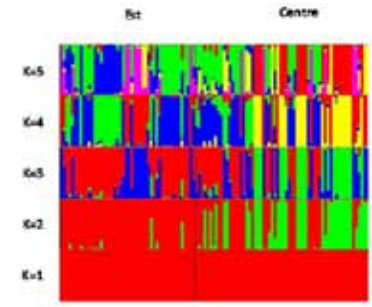


Figure 4: structure de la population

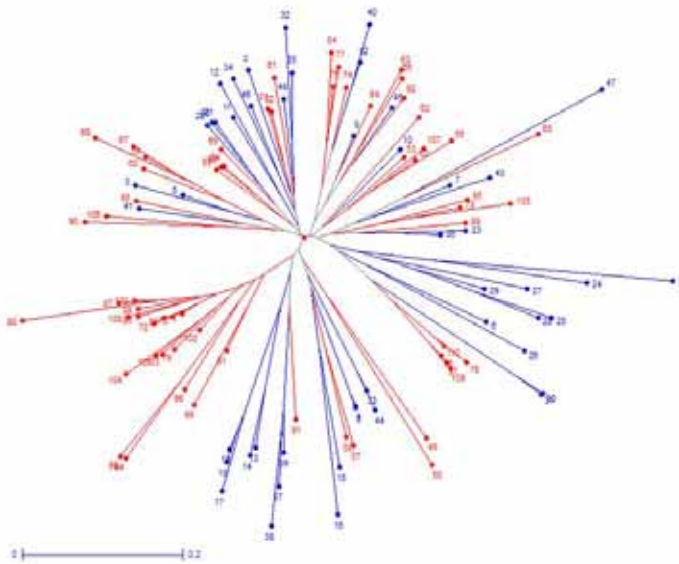


Figure 5: dendrogramme des relations entre populations par la méthode du neighbor-joining

le résultat de la courbe d'Evano figure 3) et l'arbre phylogénétique figure 4). La courbe d'Evano a été utilisée afin d'estimer le nombre de populations. Il correspond à la valeur K lorsque la courbe atteint son pic. Il apparait un nombre total de population K= 3 groupes génétiques homogènes obtenus au pic de la courbe (figure 3). La population de cobaye de la zone agro-écologique bimodale du Cameroun serait constituée de 3 (K=3) types génétiques distincts.

Structure génétique de la population

Les différentes couleurs représentent des sous-populations distinctes estimées pour les régions de l'Est et du Centre (figure 4). En absence de model d'homogénéité, l'existence d'un mélange des populations a été confirmée impliquant que chaque lignée a conservé une petite proportion de la composante du groupe. Cependant, un début d'introgression est observé lorsque K=3. Donc l'on distingue principalement 3 populations de cobayes dans la zone étudiée représentées par ordre d'importance par les couleurs rouge, verte et bleue. Le dendrogramme des relations phylogénétiques entre les sous populations étudiées montre que notre population peut être subdivisée en 3 groupes génétiques distincts (figure 5). Cependant, un fort mélange des individus issus des différentes populations est observé au niveau de la population globale traduisant une forte introgression qui est la résultante des plusieurs croisements entre les différents types génétiques existant dans la population totale étudiée. Ainsi le regroupement des individus se fait indépendamment de l'origine géographique. Cette distribution pourrait s'expliquer par l'existence d'une base génétique commune des animaux, malgré la différence géographique et phénotypique. Aussi l'inexistence de plan ou programme de croisement n'est pas à négliger.

Discussion

Treize des seize marqueurs utilisés dans cette étude se sont avérés efficaces dans l'étude de la diversité génétique des cobayes de la zone agro-écologique bimodale du Sud Cameroun. Le taux de discrimination de l'ordre de 81% obtenu reste cependant inferieur au taux de 100% trouvé par Kanitz et al, (2009) chez deux ancêtres de cobaye (Cavia magna et Cavia apera) avec le même nombre de marqueurs, par Burgos et al, (2011) et Burgos et al, (2007) travaillant respectivement avec les microsatellites et les marqueurs dominants (RAPD). Cependant, ce taux obtenu est de 6% supérieur à celui obtenu par Ayagirwe (2014) chez les cobayes de la zone agro-écologique monomodale du Cameroun, avec les mêmes marqueurs microsatellites. Plusieurs facteurs pourraient expliquer ce faible taux de discrimination obtenu : entre autres, l'existence d'allèles nuls, allèles ne donnant lieu par PCR à aucune amplification. Une délétion au niveau des amorces ou une mutation dans les séquences flanquantes du microsatellite pourraient entrainer la présence d'allèles nuls (Jordana et al, 2003 ; Mohamed et al, 2010). L'estimation de la diversité génétique s'est basée sur une série de marqueurs microsatellites hautement polymorphiques. 11 allèles ont été observés dans la population totale. Il varie de 5,154 à l'Est à 5,538 dans le Centre, avec une moyenne de 5,346. Ce nombre est inférieur aux 35 allèles obtenus par Burgos et al, (2011) qui, utilisant 5 marqueurs microsatellites pour étudier la diversité génétique de 3 populations de cobaye dans 7 zones d'élevage en Colombie. Par ailleurs, le nombre d'allèle est plus faible que celui obtenu par Ayagirwe (2014) qui a observé 16 allèles dans la population de cobaye de la zone forestière monomodale du Cameroun. Néanmoins, la moyenne de la population (5,346) est supérieure aux 3,16 obtenue dans la zone forestière monomodale du Cameroun (Ayagirwe, 2014), mais reste en deçà des 6,8 obtenu par Burgos et al, (2011). Ce niveau est considéré suffisant et même au dessus du nombre recommandé d'allèle (>4) pour réduire l'estimation de la distance génétique de l'erreur standard (FAO, 2004). Le Contenu d'Information Polymorphique (PIC) varie de 0,05 à 0,86, pour une moyenne de 0,45. Il est assez élevé et représente un bon indicateur dans l'étude de la diversité des

populations de cobayes de la zone agro-écologique à pluviométrie bimodale du Cameroun. Botstein et al, (1980) pour la première fois ont ressorti que l'indice PIC pouvait être utilisé pour évaluer le niveau de variation des gènes: Lorsque PIC>0,5, le locus a une diversité élevée; quand PIC< 0,25, le locus a une faible diversité ; et un locus a une diversité intermédiaire lorsque PIC est compris entre 0,25 et 0,5. Les valeurs élevées de PIC et le nombre considérable d'allèles obtenu dans la présente étude montrent que les marqueurs sont informatifs pour la population de cobaye en étude, et démontrent que le cobaye de la zone agro-écologique à pluviométrie bimodale du Cameroun a une large base génétique lui permettant de s'adapter à une grande diversité écologique. Cette situation témoigne aussi de l'hétérogénéité des individus échantillonnés. En dehors du locus cavy 4, tous les autres loci montrent une déviation par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg. Ce résultat est semblable à celui d'Ayagirwe (2014) qui n'a eu une situation d'équilibre qu'au locus cavy 3 et à celui de Burgos et al, (2011), quant à lui, qui a observé chez trois lignées de cobaye en Colombie (cobaye indigène, amélioré et apprivoisé) une déviation de l'équilibre de Hardy-Weinberg au niveau de 4 loci sur 5 étudiés. Ce résultat est largement en dessous de ceux obtenus par Kanitz et al, (2009) chez deux espèces sauvages avec les mêmes marqueurs. En effet, il a observé un équilibre pour tous les marqueurs dans l'espèce C. apera et quelques déviations ont été observées pour C. magna aux loci cavy 1, 5 et 10. Il est difficile de dire quelle est l'origine de ces déviations observées. Mais le déficit en hétérozygote observé pourrait nous emmener à imputer cette déviation à la consanguinité. Cette hypothèse est renforcée par l'absence de consanguinité qui a été observée au locus cavy 4, qui pourrait être une conséquence de l'équilibre observée à ce locus. La structure de la population globale n'est donc plus homogène puisqu'en général, un écart de Hardy-Weinberg peut se produire en raison du mélange des pools de gènes hétérogènes (Ferguson et al, 1996). Etant donné que les populations sont domestiquées, leurs parents ne peuvent pas être d'un même stock naturel. Burgos et al, (2007) et Solarte et al, (2007), ont déclaré que la population de cobaye est affectée par les pressions évolutives telles les accouplements non aléatoires, les changements aléatoires dans la fréquence des allèles dans une population (dérive génétique), la mutation, la migration et la sélection naturelle et spécialement une réduction de la taille de la population. Le déséquilibre de Hardy-Weinberg observé dans la population globale serait aussi due à la taille faible de l'échantillon, mais aussi à une sélection négative (Numbela et Valencia, 2003 ; Ekkers, 2009). Par ailleurs, dans les systèmes d'élevages de cobayes du Cameroun, la taille moyenne de la population est très faible. Elle est en général de 7 animaux (Ngou Ngoupayou et al, 1995), ce qui ne peut pas conduire à des accouplements aléatoires. En outre, on assiste souvent à des échanges des animaux entre éleveurs d'une même région et même entre régions ce qui explique le flux migratoire élevé observé dans cette étude. La statistique F de Wright a été utilisé pour tester la différentiation génétique au sein des sous populations. Le FIS et le FIT peuvent avoir des valeurs positives ou négatives, cependant, les valeurs de FIT ont été toutes positives. Lorsqu'il n'y a pas de différentiation, la valeur du FST est de 0 ; lorsque les allèles au sein de la population sont différents, la valeur du FST est de 1. La valeur moyenne du FIT qui est de 0,02 suggère que seule 2% de la variance est imputable aux sous populations, tandis que 98% de la variabilité est attribuée à la variabilité génétique intra population. Les valeurs du FST sont proches de zéro et prouvent donc que la population de cobaye de la zone forestière à pluviométrie bimodale est assez homogène. Cette valeur du FST est comparable au taux de 0,010 qu'ont observés Burgos et al, (2011) sur 3 populations de cobaye de 7 zones de la Colombie. Par contre, il est très inférieur au taux de 11% de la variabilité due aux différences entre populations trouvées par Ayagirwe (2014) en zone forestière monomodale du Cameroun. La variance moléculaire est donc plus élevée entre individus qu'entre les sous populations, ce qui suggère une forte

hétérogénéité au sein des individus échantillonnés. Le niveau faible de différentiation génétique entre les sous populations est dû au flux migratoire de gènes entre les régions, phénomènes qui avec l'ad mixture peuvent exercer un effet sur la réduction de la diversité génétique, plus important que les mutations et les drifts génétiques (Laval et al, 2000). Le coefficient de consanguinité (FIS) au sein de la population varie de -0,154 à 0,739, avec une moyenne de 0,377. Il est en général positif dans la plupart de loci, ce qui suggère un déficit en hétérozygotes. La même situation de déficit en hétérozygote a été observée en Colombie (Burgos et al, 2012) et par Ayagirwe (2014). En effet, ils ont eu 0,323 et 0,759 pour 3 populations et 5 populations de cobaye en Colombie et au Cameroun respectivement. Ce résultat pourrait aussi expliquer les déviations par rapport aux conditions de Hardy-Weinberg observés dans la plupart de loci dans cette étude. Les taux de consanguinités ont été élevés dans cette étude. Ayagirwe (2014) a aussi eu des taux de consanguinité très élevés dans la population de cobayes de la zone forestière monomodale. Des taux de consanguinité élevés ont été observés dans la plupart de systèmes de productions animales. Cette situation a été attribuée aux croisements non aléatoire et à la sélection sur les paramètres d'importance économique et l'usage intensive des technologies de la reproduction (Kumar et al, 2006 ; Granevitse et al, 2007 ; Serrano et al, 2009 ; Wu et al, 2009). Le cobaye au Cameroun est élevé dans un système où il n'y a pas de contrôle de la reproduction, les croisements se font au hasard. Ceci pourrait expliquer la forte diversité intra population observée. Certains auteurs (Machado et al, 2003 ; Toro et Maki-Tanila, 2007) ont suggéré que la diversité génétique intra population élevée pourrait dériver du chevauchement des générations et la mixture des populations de différentes zones géographiques. La diversité génique indiquée par l'hétérozygotie attendue non biaisée (Hnb) a été moyenne et a varié de 0,446 à l'Est à 0,510 dans le Centre avec une moyenne de 0,478. La diversité génétique élevée observée au sein d'une souche suggère l'existence d'une diversité génétique sous-jacente élevée au sein de la souche qui peut être utilisé pour améliorer les traits désirables (Mwambene et al, 2012). Cette grande diversité augmente la capacité d'adaptation à un environnement changeant, à la demande du marché et aux objectifs de croisements (Notter, 1999). L'hétérozygotie attendue est en général supérieure à celle observée. En moyenne, l'hétérozygotie observée (Ho) est de 0,306 alors que celle attendue (Ha) est de 0,473. Cette situation résulterait d'un croisement non contrôlé. Ce résultat est similaire à celui qu'a obtenu Burgos et al, (2011) dans 7 zones d'élevage du cobaye en Colombie. En effet, il a obtenu un taux d'hétérozygotie observé variant de 0,33 à 0,60 avec un déficit en hétérozygotes. Par ailleurs, il est comparable à celui de Ayagirwe (2014) qui a obtenu des taux d'hétérozygotie en général faible par rapport aux taux attendus dans les 5 populations étudiées dans la zone forestière monomodale du Cameroun. Ce résultat confirme aussi le taux de consanguinité assez élevé pour la plupart de locis microsatellites étudiés, ainsi que le nombre réduit de génotype observé. Les distances génétiques très faible et la forte identité entre les populations du Centre et de l'Est confirment le taux de consanguinité élevé au sein de la population totale et prouve que les frontières géographiques ne sont pas une contrainte dans les croisements dans la zone forestière bimodale du Cameroun. Par ailleurs, les valeurs des paramètres de différentiation (FST, FIS, FIT) démontrent un rapprochement entre les populations de cobayes de la région du Centre et de l'Est. L'échange d'animaux est donc considérable entre les deux régions. Ces résultats sont renforcés par l'analyse en composantes principales. Par ailleurs, le flux de gène (Nm) assez élevé entre les populations de l'Est et du Centre traduit un échange de gène important entre les deux populations. Ce qui confirme l'identité génétique de Nei assez significatif et la faible distance génétique trouvée entre les deux populations. Ayagirwe (2014) a aussi observé une grande introgression génétique dans la zone forestière monomodale du Cameroun. Ces observations mettent en

évidence une circulation et un échange considérable du matériel animal entre les régions. Les cobayes de la zone agro-écologique bimodale du Cameroun appartiendraient à trois groupes génétiques distincts. Le principe de l'évolution qui entraine la variation de la constitution génétique (Mohamed et al. 2010) d'une population serait à l'origine de cette structuration. Pour ce qui est de la phylogénie du cobaye de la zone forestière bimodale du Cameroun, le dendrogramme nous a prouvé l'existence de 3 groupes homogènes, bien qu'un fort mélange des individus des différentes populations soit observable. L'existence d'une large base commune entre les cobayes de la région de l'Est et celle du Centre serait une des raisons du mélange observé. L'absence de barrière géographique ainsi que l'inexistence de programme de gestion du cobaye camerounais ne sont pas aussi à négliger.

Conclusion

A l'issue de ce travail qui visait spécifiquement à évaluer le pouvoir de discrimination de la diversité génétique des microsatellites, analyser la diversité génétique, ainsi que la structure et les relations phylogénétiques des populations étudiées du cobaye de la zone forestière bimodale du Cameroun, les principales conclusions montrent que : 13 des 16 loci microsatellites ont été des marqueurs efficaces pour l'analyse des relations génétiques entre les populations de cobayes domestiques dans la zone forestière bimodale du Cameroun ; pour ce qui est de la diversité génétique des populations de cobayes, le niveau de variabilité génétique est assez élevé entre les individus au sein et entre les populations de cobaye de l'Est et du Centre du Cameroun. Malgré le taux de consanguinité très élevé au sein de la population, les indices de différentiation montrent que les populations du Centre et de l'Est ont une grande base génétique commune. La population est vraiment menacée par une absence totale de plan de croisement, ni de livres généalogiques, ce qui présume une évolution de la population vers l'homozygotie. Cette situation s'explique clairement par le statut encore négligé du cobaye au Cameroun. Le système d'élevage n'est pas maitrisé par les éleveurs, d'où la perte de la diversité et la tendance à l'homozygotie et la baisse des performances au fil des temps. La population des cobayes de la zone agro-écologique bimodale du Cameroun présente une distance génétique faible et un flux génétique très élevé qui entrainent une tendance à l'homozygotie. Le maintien de la diversité génétique actuelle de cette espèce est un défi commun qu'il convient de relever dans l'optique d'une gestion efficace de cette ressource qui de plus en plus se hisse à une place de choix dans la lutte contre la malnutrition. Une analyse morphométrique pour la détermination des performances du cobaye domestique de la zone forestière à pluviométrie bimodale du Cameroun devrait être faite.Des études plus approfondie, utilisant l'ADN mitochondrial seraient souhaitables, en vu d'une connaissance plus approfondie de l'origine du cobaye de la zone forestière bimodale du Cameroun s'avèrent nécessaire. Un programme d'identification, de sélection et de standardisation des trois groupes génétiques identifiés est urgent pour une éventuelle conservation et amélioration.

Remerciements

Ce travail a été entièrement financé par Projet Cobaye ILRI-CSIRO CSI002-GUI de l'Université de Dschang et ses partenaires Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization (CSIRO) et BecA-ILRI (Bioscience eastern and central Africa-International Livestock Research Institute).

References:

Botstein D, White RL, Skolnick M, DavisRW, 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. The American Journal of Human Genetics 32:314-331.

Burgos PW, Cerón MM, Solarte PC, 2011. Genetic diversity et population structure of the Guinea pig (Cavia porcellus, Rodentia, caviidae) in Colombia. Genetics and Molecular Biology, 34(4): 711-718.

Ekkers V, 2009. La caviaculture comme source de protéines en milieu périurbain pour les populations du Nord Kivu (mémoire) Université de Liège : Liège, 25p http://www.bedim.org/guides/caviaculture_au_sud-Kivu.pdf. (08/09/2011)

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.

Felsenstein J, 2005. Phylip (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.

Ferguson A, Taggart JB, Prodohl PA, McMeel O, Thompson C, Stone C, McGinnity P, Galbusera P, Volckaert FA, Hellemans B, Ollevier F, 1996. Isolation and characterization of microsatellite markers in the African catfish Clarias gariepinus (Burchell, 1822). Mol. Ecol. 5:703-705.

Foulley JL, Ollivier L, 2006. Diversité génétique et richesse allélique : concepts et applicationà des races bovines. In : Treizièmes rencontres autour des recherches sur les ruminants, Paris, France, pp.227-230.

Hubisz MJ, Falush D, Stephens M, Pritchard JK, 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. Mol Ecol Resources 9: 1322–1332

Huss DL, Roca G, 1982. Small Animals for Small Farms: The Guinea Pig and a Hypothetical Development Centre. FAO Regional Office for Latin America. Santiago, Chile.

Kalinowski ST, Taper ML, Marshall TC, 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. Mol. Ecol., 16. 1099-1006.

Kanitz R, Fritz T, Sandro L, Bonatto, 2009. Characterization of new microsatellite loci for the South-American rodents Cavia aperea and Cavia magna. Conservation Genet Resour. 4p.

Liu K, Muse SV, 2005. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. Bioinformatics. 2005 May 1;21(9):2128-9. Epub 2005 Feb 10.

Metre TK, 2012. Possibilités d'amélioration de l'élevage de cobaye (Cavia porcellus L.) au Sud Kivu, à l'Est de la République Démocratique du Congo. Thèse de Master complémentaire en gestion des ressources animales et végétales en milieux tropicaux. Université de Liège. 68p.

Nei M, Roychoudhury AK, 1974. Genic variation within and between the three major races of man, Caucasoids, Negroids, and Mongoloids. Am J Hum Genet. 26(4): 421–443.

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

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

Nei M, Tajima F, Tateno Y, 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. J. Mol. Evol. 19:153-170.

Ngou Ngoupayou JD, Fotso JM, Kouonmenioc J, 1994. Le cobaye (Cavia porcellus L.) comme animal de boucherie au Cameroun. Tropicultura 12 (4):157-161.

Numbela ER, Valencia CR, 2003. Guinea pig management manual. Benson Agriculture and Food Institute. Provo, UT, USA.: 54p.

Peakall R, Smouse PE, 2006. GENALEX 6.41: Genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research. Mol. Ecol. Notes 6:288-295.

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

Salganik MJ, Heckathorn DD, 2004. Sampling and estimation in hidden populations using respondent-driven sampling. Sociological methodology 34(1): 193-239.

Spotorno AE, Marin JC, Manriquez G, Valladares JP, Rico E, Rivas C. 2006. Ancient and modern steps during the domestication of guinea pigs (Cavia porcellus L.). J Zool 270:57–62

Thys E, 2001. Stratégie de survie en milieu urbain en Afrique Centrale. Rôle potentiel du mini-élevage dans la lutte contre la pauvreté. Bulletin Semestriel BEDIM, 10 (2): 10-13.

Weir BS, Cockerham CC, 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. Evolution 38: 1358–1370.

CHARACTERIZATION OF LOCAL PIG PRODUCTION SYSTEMS IN GHANA

Adjei, O.D., Osei-Amponsah, R. and Ahunu, B.K.
Department of Animal Science, University of Ghana, Legon

Abstract

This study was conducted to characterize local pig production systems in Ghana. Seventy-nine (79) local pig farmers from six regions of Ghana were interviewed for the production systems characterization. Predominantly, local pig farmers practiced extensive/scavenging (56%) with very few practicing intensive system of production (19%). Sources of parent stock were mostly inherited/family (31.65%), bought from market (21.52%) or from within the district (7.59%). Reasons for raising local pigs were; for meat (39.33%), savings (24.72%), wealth and status (19.10%), breeding (8.99) and manure (7.87%). The major challenges faced by local pig farmers were feeding (41%), housing (22%) and labour (15%). Prevalent diseases in the study areas were diarrhoea (40%), mange/lice infestation (27%), pneumonia (10%), and worms (17%) with few anaemic conditions (6%). Improvement in husbandry practices (housing, record keeping and feeding) must be encouraged and farms like Babile pig breeding station need to be promoted or supported.

Key words: Characterization, production systems, local pigs, husbandry.

CHARACTERIZATION DES SYSTEMES DE PRODUCTION DE PORCS LOCAUX AU GHANA

Resume

Cette étude a été menée dans le but de réaliser une caractérisation des systèmes de production de porcs locaux au Ghana. Soixante-dix-neuf (79) éleveurs de porcs locaux choisis dans six régions du Ghana ont été interviewés en vue de la caractérisation des systèmes de production. D'une manière générale, les éleveurs de porcs locaux nourrissaient leurs animaux avec des déchets récupérés (56%), un petit nombre d'entre eux pratiquant un système d'élevage intensif (19%). Les cheptels parentaux étaient pour la plupart hérités / familiaux (31,65%), achetés sur le marché (21,52%) ou issus de l'intérieur du district (7,59%). Les raisons de l'élevage de porcs locaux comprenaient la viande (39,33%), l'épargne (24,72%), la richesse et le statut social (19,10%), la reproduction (8,99) et le fumier (7,87%). Les principales difficultés rencontrées par les éleveurs de porcs locaux étaient l'alimentation de ces animaux (41%), le logement (22%) et la main d'œuvre (15%). Les maladies répandues dans les zones d'étude étaient la diarrhée (40%), la gale / infestation par les poux (27%), la pneumonie (10%) et les vers (17%), avec quelques cas d'anémie (6%). L'amélioration des pratiques d'élevage (logement, tenue des dossiers et alimentation) doit être encouragée ; et les fermes comme la station d'élevage de porcs à Babile doivent être encouragées ou soutenues.

Mots-clés : Caractérisation, systèmes de production, porcs locaux, élevage.

Introduction

The Ashanti Black forest pig of Ghana also known as the Ashanti Dwarf pig (ADP) (Figure 1), is a local breed known to be hardy, tolerant to most common diseases and stresses and which survive under poor management and extremes of environmental conditions (Ahunu *et al.,* 1995; Barnes and Fleischer, 1998). Holness et al. (2005) described indigenous pigs as better-adapted to 'harsher' environments and poor management systems.



Figure 1: An Ashanti Dwarf Pig (ADP)

Local pigs in general have low production potential but do not need intensive husbandry practices to survive. On the other hand, exotic breeds require intensive husbandry practices (adequate feeding, improved housing and regular veterinary care) which many small scale farmers cannot afford. Local pig breeds like the ADP thus offer a viable alternative for many a small-scale local farmer to increase livestock production (Osei-Amponsah *et al.,* 2015).

The most rational and sustainable way to conserve animal genetic resource is to ensure that locally adapted breeds remain functional parts of the production system (Wollny, 2003). Characterization of the production system of local pigs will reveal their limitations, the challenges faced by the farmers and help make recommendations to overcome them. In this study therefore we sought to characterize the production systems of local pigs in Ghana.

Materials and Methods

Seventy nine (79) local pig farmers sampled from six regions were used in the study. These regions were selected from three out of the six ecological zones of the country. Communities where local pigs are raised and farmers who keep them were identified with the assistance of District Directors of the Ministry of Food and Agriculture (MoFA) and Agricultural Extension Agents (AEAs). A pretested questionnaire developed following FAO guidelines (FAO, 2007) was administered to farmers to capture information on the production systems of local pig production. Data obtained from the survey was subjected to analysis using the GENSTAT software (13th edition, 2013) to obtain relevant descriptive statistics on key husbandry parameters.

Results and Discussions

Local pigs in the study areas were mostly owned by men (72.15%) but generally managed/ taken care of by women. This agrees with FAO reports which indicate that women play a critical role in subsistence agricultural production including livestock keeping and food processing (FAO, 1995). The results of this study also revealed that majority of the local pig farmers were illiterate (82.28%) and this influenced their husbandry practices. Similarly, Aina (2007) reported that majority of African farmers are illiterates. Religious background also influences the choice of livestock. Most of the local pig farmers were Christians (82.28%) because Muslims were not found to be involved in pig farming because of their religious taboos against pigs.

Extensive/scavenging system of producing local pigs was the most predominant, followed by semi-intensive (Figure 2). Production system determines the type of pigs that can be raised by farmers under those prevailing conditions (Lekule and Kyvsgaard, 2003; Mashatise *et al.,* 2005). Free range and semi-intensive systems of producing local pigs were common due possibly to the fact that, majority of the farmers who kept local pigs

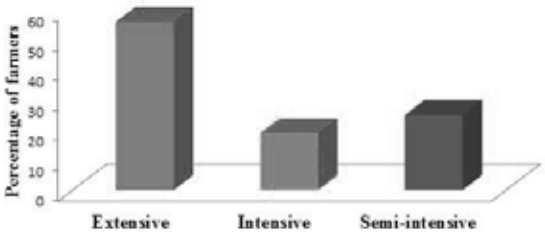


Figure 2: Farming systems practiced by local pig farmers sampled

were involved in crop cultivation or fishing. Meat from pigs reared under free range was reported to be tastier than intensive system. The findings of this study is also in agreement with a research conducted by Lemke and Zárate (2008) who concluded that meat from pigs raised under free ranging rearing system has a better taste than imported ones because it is lean.

Farmers who were into intensive farming system mostly reared crosses and few exotics. Few farmers and Government farms practiced intensive system of rearing local pigs due to expensive nature of keeping pigs as compared to semi-intensive and extensive systems. Most often, available resources of the area is the deciding factor in selecting the component of mixed farming system. Housing for these local pigs were however very poor (Figure 3) except for few farmers that are into commercial farming. Most of the feed given to these animals were also of poor quality (Figure 4). A greater number of farmers kept both ADP, and Large White in the same pen (Figure 5). However, farmers reported that free range system of producing pigs permits outbreak and spread of diseases as the animals scavenge. Madzimure (2011) revealed a similar case of Classical swine fever (CSF) in 2005 as a result of free range system. The South African government therefore recommended that farmers must enclose their pigs in specially built pens to minimize the risk of such outbreaks.

Mating between local and exotic pig breeds was uncontrolled as a result of the free ranging system of production. However, the situation facilitated indiscriminate crossbreeding (Figure 5). Under these circumstances, cross breeding does not benefit farmers since it needs to be directional to become beneficial (Subalini *et al.,* 2010).

Most local pig farmers tend to keep all categories of pigs including boars, sows, young boars, gilts and piglets. Farmers that reared few pigs (1 to 10 local pigs) were in the majority (62.03%). The main reason for this was the limited resources including poor housing, feeding and health care. Similar findings of small herd sizes (3-9) of indigenous pigs have been reported in other countries (Chiduwa *et al.,* 2008; Subalini *et al.,* 2010). Although extensive/ free range system was common, few farmers kept more than 20 local pigs. High cost of feed was the major reason influencing the small herd in pig production. This contributed to boars being culled or sold early to minimize cost of feeding. Most of these farmers fed their local pigs with household wastes such as peels of yams, potatoes, cocoyam, boiled cassava, brans and cereal.

All the seventy-nine farmers interviewed had at least one other vocation in addition to the pig production. These included crop cultivation (30.7%), fishing (23.1%), Government workers (18.4%), labourers (15.3%) and private workers (12.4%).

Most farmers reared pigs for meat (33.2%) and cash or as savings (32.3%). Other minor reasons for keeping pigs were for manure (16.1%), breeding (11.5%) and cultural or social demands (6.9%). Pigs reared for meat and savings/cash from sales indicated by almost all the farmers showed that pig production was a source of protective income to them. The pigs were usually sold when there was an urgent need for cash such as paying of school fees, cultural celebrations and debts. Similarly, Huynh (2005) reported medical expenses and travelling, in addition to the findings of this study.

Reasons for keeping local pigs were diverse (Table 1). However, these observations are slightly different from a report by Subalini et al. (2010) who stated easy management, low disease incidences and cost effectiveness as predominant reasons of keeping local pigs in Sri Lanka. Likewise, Sovann and San (2002) reported that in Cambodia, local pig keeping is



Figure 3: Typical housing structures used for local pigs production in Ghana



Figure 4: An example of poor feed and water giving to local pigs in Ghana



Figure 5: Large white and Ashanti Dwarf pigs kept in the same pen



Figure 6: Crossbred between ADP and Large white

Table 1: Reasons for raising local pigs

Reason	Responses	Percentage (%)
Easy management (A)	18	22.78
Cost effective (B)	10	12.66
Adaptability (C)	6	7.60
Low disease occurrence + A + B + C	32	40.51
A + B	13	16.46

not very attractive due to high cost of feeding. Darfour-Oduro et al. (2009) reported that the ADP is well adapted to tropical temperatures because of its resistance to sunstroke. The local pigs are also resistant to many of the prevalent diseases and have good mothering ability. Selection for disease or parasitic resistance is important since farmers cannot afford to purchase commercial drugs. Low disease incidences were reported even though the majority of local pigs were reared under harsh conditions. Farmers reported diarrhoea (40%), mange/lice infestation (27%), worm (17%), cough/pneumonia (10%) and aneamia (6%) as common diseases that attacked the local pigs. Majority of farmers who kept both ABP and crossbreds reported that the exotic (Large white) and their crossbreds (Figure 6) were easily attacked by diseases than the ABP's. Local pigs have been reported to survive drought incidence in Ghana (Barnes and Fleischer, 1998) and outbreaks of ASF in Malawi and Mozambique (Haresnape and Wilkinson, 1989). Roessler et al. (2008) also reported that local pigs' ability to survive natural calamities, such as droughts could be more important than high productivity for communal farmers in South Africa. Apart from these things, small body sizes of local pigs, their production of lean meat with very low fat make them popular with farmers. A number of researches have revealed that local pigs have multiple adaptive traits to harsh environments (Chimonyo *et al.,* 2005; Marufu *et al.,* 2008). These traits include small body sizes, heat tolerance, and production of tasty pork, good mothering ability of sows and excellent foraging ability (Madzimure, 2011).

Farmers reported feeding (41%), housing (35%) labour (14%) and diseases (10%) as the major limiting factors affecting their pig production. Little or lack of Government support to these farmers is a factor of this poor husbandry practices as evidenced by the type of housing provided for instance. Farmers knew that a constant flock size essentially depends on a large number of reproductively active females that must be kept for long periods of time. Holness (1991) reported that smallholder pig producers have a higher number of females due to high boar culling rates.

Conclusions and Recommendations

No planned breeding program existed for local pig production as a result of which indiscriminate crossing with exotic breeds is rampant. Government has given little attention to local pig production resulting in low production and parasitic infections. Illiteracy rate among farmers was high as seen in their lack of appreciation for good husbandry practices and there is thus the need to organize training programmes for such farmers. Housing, feeding, health care for local pigs was poor to non-existent.

Local pig production system in Ghana needs support from government and other stakeholders to avoid undesirable breeding practices. Research institutions and universities should take lead in appropriate crossbreeding programmes and sell the improved crossbreds to farmers. Breeding farms like APD/MOFA's pig breeding station at Babile needs to be sustained to ensure a pure gene pool of the ADP. Improvement in husbandry practices (housing, record keeping, sanitation and feeding) should be encouraged to protect pigs from direct rainfall, sun, minimize heat stress and help control parasitic infections.

References

Adeola, A., Oseni, S. and Omitogun, O. (2013). Morphological characterization of indigenous and crossbred pigs in rural and peri-urban areas of southwestern Nigeria. Open Journal of Animal Sciences, volume 3, 230-235.

Ahunu, B. K., Boa-Amponsem, K., Okantah, S. A., Aboagye, G. S. and Buadu, M. K. (1995). National Animal Breeding Plan for Ghana. A Draft Report on National Livestock Genetic Improvement. Ministry of Food and Agriculture, Accra, Ghana.

Aina, L.O. (2007). Globalization and Small- Scale Farming in Africa: What role for Information Centres? World libraries and information congress 73rd IFLA General Conference and Council. Durban, South Africa.

Barnes, A. R. and Fleischer, J. E. (1998). Growth rate and carcass characteristics of indigenous (Ashanti Dwarf) pig. Ghana Journal of Agricultural Science, 31: 217-221.

Chiduwa, G., Chimonyo, M., Halimani, T. E., Chisambara, S. R. and Dzama, K. (2008). Herd dynamics and contribution of indigenous pigs to the livelihoods of rural farmers in a semi-arid area of Zimbabwe. Tropical Animal Health and Production, 37: 333-344.

Chimonyo, M., Bhebhe, E., Dzama, K., Halimani, K. and Kanengoni, A. (2005). Improving smallholder pig production for food security and livelihood of the poor in Southern Africa. African Crop Science Conference Proceedings, 7: 569-573.

FAO. (2007). The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by Barbara Rischkowsky & Dafydd Pilling. Rome (available at http://www.fao.org/docrep/010/a1250e/a1250e00.htm).

Holness, D.H. (1991). The tropical agriculturalist – pigs. 2nd Edition. In: Tropical Centre for Agricultural and Rural Co–operation. McMillian Education Limited Publishers. The Netherlands. Page 150.

Holness, D., Peterson, R. and Brian, O. (2005). Pigs. In: Livestock and Wealth Creation: Improving the husbandry of animals kept by resource-poor people in developing countries. Edited by Owen, E., Kitalyi, A., Jayasuriya, N. and Smith, T. Nottingham University Press. Page 343 – 359.

Lekule, F. P. and Kyvsgaard, N. C. (2003). Improving pig husbandry in tropical resource-poor communities and its potential to reduce risk of porcine cysticercosis. Acta Tropics, 87: 111-117.

Madzimure, J. (2011). Climate change adaptation and economic valuation of local pig genetic resources in communal production systems of South Africa PHD Thesis, Alice, Republic of South Africa.

Marufu, M.C., Chanayiwa, P., Chimonyo M., and Bhebhe, E. (2008). Prevalence of gastrointestinal nematodes in Mukota pigs in a communal area of Zimbabwe. African Journal of Agricultural Research, 3 (2): 91-95.

Mashatise, E., Hamudikuwanda, H., Dzama, K., Chimonyo, M. and Kanengoni, A. (2005). Socio-economic roles, traditional management systems and reproductive patterns of Mukota pigs in semi-arid north-eastern Zimbabwe. Bunda Journal of Agriculture, Environmental Science and Technology 3: 97–105.

Osei-Amponsah, R., Sargent C., Adjei, O.D., Skinner, B, Julien, B, Larson, G. and Affara, N, A. (2015). Origin and phylogenetic status of the local Ashanti Dwarf pig (ADP) of Ghana based on evidence from mtDNA analysis, MC1R and Y-chromosome haplotypes'. Poster number P0359 presented at the 2015 Plant and Animal Genome Conference (PAG XXIII) held at the Town and Country Hotel, San Diego, USA from the 10th to 14th January, 2015.

Sovann, S and San, S. (2002). Pig production in Cambodia. In: Priorities for pig research in Southeast Asia and the Pacific to (2010). Australian Centre for International Agricultural Research, Canberra, Australia. Page 22–28.

Subalini, E., Silva, G. L. L. P. and Demetawewa, C. M. B. (2010). Phenotypic Characterization and Production Performance of Village Pigs in Sri Lanka. Tropical Agricultural Research. Volume 21(2): 198 – 208.

DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DES POPULATIONS DES COBAYES (CAVIA PORCELLUS) DE LA ZONE AGRO-ÉCOLOGIQUE DES HAUTES TERRES DE L'OUEST-CAMEROUN

Wikondi J[1], Meutchieye F[1], Ayagirwe R B B[2], Poutougnigni M Y[1] et Manjeli Y[1]
[1]Faculté d'Agronomie et des sciences Agricoles, Université de Dschang, PB: 188 Dschang-Cameroun;
[2]Université Evangélique d'Afrique (République Démocratique du Congo)

Résumé:

Conduite entre avril 2012 et septembre 2013, cette étude avait pour objectif global de contribuer à la connaissance de la diversité génétique des cobayes (Cavia porcellus) de la zone agro-écologique des Hautes Terres de l'Ouest du Cameroun. Les principaux objectifs spécifiques étaient de caractériser la diversité génétique entre les populations de cobayes des Hautes Terres de l'Ouest-Cameroun et d'analyser la structure génétique de la population des cobayes de cette zone. De ce fait, l'ADN génomique a été extrait sur 226 échantillons de sang de cobayes choisis dans les Régions de l'Ouest et du Nord-Ouest du Cameroun en fonction de la variabilité phénotypique des animaux, de la disponibilité des éleveurs et de l'accessibilité aux élevages. Les principaux résultats ont montré que treize microsatellites sur seize ont été amplifiés soit un taux de 81,25% après PCR et visualisation sur gel d'agarose à 1,5%. Par rapport à la diversité génétique, le nombre moyen d'allèles observés a été de 5,923 ± 0,368 et le nombre total d'allèle de 12 et le taux de polymorphisme est de 100%. L'hétérozygotie moyenne observée et attendue ont été de 0,392 et 0,530 respectivement. En général, l'hétérozygotie non biaisée attendue (0,532± 0,043) a été relativement supérieure à l'hétérozygotie observée (0,392 ± 0,036) dans les deux populations (Ouest et Nord-Ouest) et l'indice de fixation a été de 0,241±0,042. Une variation de 30% a été observée entre les individus d'une même population alors qu'elle a été de 7% entre les populations et de 63% entre les individus de toute la population. La structure génétique de la population et l'arbre phyllogénétique ont permis de mettre en évidence deux groupes génétiques de cobayes de la zone agro-écologique des Hautes Terres de l'Ouest. Elle ouvre des voies aux opportunités d'amélioration génétique.

Mots-clés: Diversité génétique, microsatellites, Cobayes, Cameroun

GENETIC DIVERSITY OF CAVY (CAVIA PORCELLUS) POPULATIONS OF THE HIGHLAND AGRO-ECOLOGICAL ZONE IN WESTERN CAMEROON

Abstract

The overall objective of this study, which was conducted between April 2012 and September 2013, was to contribute to knowledge on the genetic diversity of cavies (Cavia porcellus) in the highland agro-ecological zone, Western Cameroon. The main specific objectives were to characterize the genetic diversity of cavy populations in western Cameroon Highlands and analyze the genetic structure of cavy population in this area. Therefore, genomic DNA was extracted from 226 cavy blood samples selected from Western and North-Western Cameroon based on phenotypic variability, availability of breeders and accessibility of farms. The main results showed that thirteen out of sixteen microsatellites were amplified at a rate of 81.25% after PCR and visualization in 1.5% agarose gel. Concerning genetic diversity, the average number of observed alleles was 5.923 ± 0.368 and the total number of alleles 12, and the polymorphism rate 100%. The average heterozygosity observed and expected was 0.392 and 0.530 respectively. In general, unbiased expected heterozygosity (0.532 ± 0.043) was relatively higher than observed heterozygosity (0.392 ± 0.036) in both populations (West and North-west) and fixation index was 0.241 ± 0.042. A variation of 30% was observed between individual animals of the same population, while it was 7% between populations and 63% among individual animals of the entire population. The population genetic structure

Auteur correspondant: wikondi984@ahoo.fr et fmeutchieye@gmail.com

and the phyllogenetic tree helped highlight two genetic groups of cavies in the Western HighLand agro-ecological zone. It paves the way to genetic improvement opportunities.

Keywords: Genetic diversity, microsatellites, Guinea pigs, Cameroon

Introduction:

La diversité des animaux domestiques est une composante importante de la biodiversité globale. Environ 40 espèces d'animaux domestiques contribuent aux besoins de l'Homme en fournissant viandes, fibres, lait, œufs, puissance des animaux de trait, peaux et fumier. A l'intérieur de ces espèces, plus de 7000 races et lignées constituent les ressources génétiques animales, lesquelles sont cruciales pour l'alimentation et l'agriculture (FAO, 2007). Depuis des siècles, l'élevage a été un produit de la sélection naturelle et artificielle. Les races sélectionnées conviennent à une grande diversité des conditions environnementales et des besoins de l'homme. (Maudet et al, 2002). Pour répondre aux défis de l'agriculture, des efforts sont faits pour conserver les ressources génétiques (Nidup et Moran, 2011). La disponibilité d'informations sur l'histoire des animaux d'élevage et les données sur les rapports génétiques entre les races fournissent un support important au processus de prise de décision pour la conservation des ressources génétiques dans une région donnée (Rege et Gibson, 2003). Les marqueurs moléculaires au niveau de l'ADN constituent les principales sources de données pour caractériser la diversité génétique et les filiations entre les races. Parmi ces marqueurs, les microsatellites qui ont vite acquis le statut de marqueurs privilégiés en génétique des populations en raison des avantages qu'ils offrent, notamment en matière de conservation (Canon et al, 2001). L'utilité des microsatellites pour l'évaluation de la diversité génétique et les études de conservation des races des animaux d'élevage a été confirmée par de nombreux travaux de recherche (Mburu et al, 2003). Des études similaires ont été faites sur les cobayes en Colombie (Spotorno et al, 2006 ; Burgoz et al, 2007 ; Burgoz et al, 2011). Au Cameroun, vu les intérêts socio-économiques (consommation, rites, précocité et prolificité) et scientifiques qu'apportent les cobayes, beaucoup d'études (Ngoupayou et al, (1994); Fotso et al, (1995); Manjeli et al, (1998) ont été faites sur la reproduction et l'alimentation des cobayes, ignorant quelque fois l'aspect génétique. Pour améliorer le système d'élevage des cobayes, l'objectif global de ce travail est de contribuer à la connaissance de la diversité génétique au sein de la population de cobayes au Cameroun. Il s'agissait plus spécifiquement de caractériser la diversité génétique entre les populations de cobayes des Hautes Terres de l'Ouest-Cameroun en utilisant seize marqueurs microsatellites d'une part et d'autre part, d'analyser la structure de la population des cobayes des Hautes Terres de l'Ouest-Cameroun.

Matériels et Méthodes :

Zone d'étude

L'étude s'est faite dans la zone agro-écologique des Hautes Terres de l'Ouest-Cameroun (Ouest et Nord-ouest). Cette zone se situe entre les 9°47′ et 11°3′ longitude Est et les 5°15′ et 6°24′ latitude Nord, a une altitude de 1 000 à 2 800 m et un climat équatorial tempéré à deux saisons (une saison de pluies allant de mi-mars à mi-novembre et une saison sèche de mi-novembre à mi-mars) et une température moyenne de 20 °C.

Collecte des données

Un échantillon de 226 prélèvements de sang de cobayes a été collecté dans la zone agro-écologique des Hautes Terres de l'Ouest-Cameroun. Le choix des cobayes s'est fait selon les variabilités phénotypiques, la disponibilité des éleveurs et l'accessibilité aux élevages. Le prélèvement du sang s'est fait au niveau des oreilles et à l'aide du papier FTA, le sang est

recueilli, séché à l'ombre pendant 24 heures et emballé à l'aide du papier aluminium pour le protéger de la moisissure et d'autres attaques microbiennes.

Analyse moléculaire

L'ADN a été extrait des papiers FTA en utilisant le protocole proposé par le laboratoire de BecA-ILRI Hub. Dans le cadre de notre étude, seize microsatellites (tableau 1) ont été utilisés pour caractériser la variabilité génétique des cobayes des Hautes Terres de l'Ouest-Cameroun tel que décrits par Spotorono et al, (2004) , Kanitz et al, (2009) et Burgos et al, (2011). Les fréquences allèliques aux loci microsatellites, l'hétérozygotie observée (Ho) et l'hétérozygotie attendue (He, calculée sous l'hypothèse d'Hardy-Weinberg avec les fréquences alléliques observées (Nei, 1978), le nombre moyen d'allèles (Na) par locus (Crow et Kimura, 1970) et l'Analyse de la Variance Moléculaire (AMOVA) ont été calculés à l'aide du logiciel GenAlex 6.4 (Peakall et Smouse, 2012). La méthode d'Evanno et al, (2005) a permis de déterminer le nombre de population dans la zone d'étude. La courbe d'Evanno s'obtient à partir du logiciel Structure sur la base des indices de diversité.

Résultats :

Paramètres génétiques

Après PCR (Polymerase Chain Reaction) et visualisation sur gel d'agarose à 1,5% treize microsatellites sur seize ont été amplifiés soit un taux de 81,25%. D'après nos observations (tableau 2), le nombre total d'allèles est de 12 (6,308+ 5,538=11,846) avec une moyenne de 5,692. Tous les loci sont révélés polymorphes à 100% dans les populations de cobayes. L'hétérozygotie non biaisée attendue est supérieure à celle observée dans les deux populations. Le déficit d'hétérozygotie va de paire avec l'indice de fixation (F). Les indices de fixation positifs variant entre 0,175 et 0,307 traduisent aussi un déficit d'hétérozygotie.

Il ressort des résultats du test de déviation à l'équilibre de Hardy Weinberg (tableau 3) que pour tous les loci, l'équilibre de Hardy-Weinberg était significatif c'est-à-dire qu'ils sont en déviation de l'équilibre dans la population totale, exceptés les loci cavy 3 et 4 de l'Ouest où le test était non significatif, donc il ya équilibre.

D'après nos analyses (tableau 3), le coefficient de différenciation (Fst) a varié de 0,009 à 0,094 pour les valeurs positives excepté le marqueur cavy 9. Ces valeurs étant comprises entre 0,05 et 0,15, indiquent un taux de différentiation modérée (Wright, 1978). En moyenne, le coefficient de consanguinité au sein de chaque population est inférieur à celui de la population totale, ces coefficients de consanguinité des loci sont supérieurs à 20% excepté les loci 8 et 11. Il ressort de nos observations que la distance génétique entre les populations de l'Ouest et du Nord-Ouest a été de 12,9 % et une identité génétique de 87,9 % (tableau 4). L'Analyse Moléculaire de la variance (AMOVA) dans la population totale a permis de se rendre compte que la variation la plus élevée a été observée au sein des individus de la population totale (63%), elle était modérée entre les individus d'une même population et faible entre populations (tableau 5).

Structure de la population des cobayes des Hautes Terres de l'Ouest-Cameroun

La courbe d'Evanno a permis de déterminer le nombre de sous populations (K) dans la population totale étudiée (figure 1). L'analyse visuelle illustre le nombre de sous populations (K) existant dans la population étudiée. K représente le nombre de groupe génétique. L'estimation du nombre de sous-population désignée par la valeur de K correspondant au pic, a été obtenue en faisant une projection de la valeur de delta K sur l'axe des abscisses. Ici K=2, indique l'existence de deux sous-populations. Ce résultat est confirmé par l'analyse de structure (figure 2). Les différents groupes génétiques de la population de cobaye en fonction des régions du Nord-Ouest et de l'Ouest où K représente le nombre de groupe génétique. Il ressort de la figure 2 que la population est partitionné en K couleurs correspondant au nombre de la population estimée. Les lignes verticales noires

Tableau I : Microsatellites utilisés chez les cobayes

Locus	Motif répété	Amorce (5'-3')	Amorce (3'-5')	Couleur
Cavy 1	(AG)27	CGGTTCTTGATTGGCTTCAT	GCCTGCTCCTGTTCTCTCTC	Vic
Cavy 2	(AC)25	GGCCATTATGCCCCCCAA	AGCTGCTCCTTGTGCTGTAG	6-fam
Cavy 3	(CT)26	ACAGCGATCACAATCTGC	GCAGTGGTAACCCAGAATGG	6-fam
Cavy 4	(GT)24	GTTGTATCTTCAAAGCCC	AATACAGTGTGCCCCAGCA	6-fam
Cavy 5	(AAGG)46	CTCCATTCACAGAGTGGTCT	AAAGTGCTGTTTAATTGGGA	Pet
Cavy 6	(TCTT)37	GTACCAGGGATCAAACTCAG	GAGCTTTCGAGAGTACGAGA	Pet
Cavy 7	(AGG)64	TGGACCTCCAGGTACTACAC	GTGACCCTGCAACATTTCT	Pet
Cavy 8	(TTC)31	CCCTTTCCCACTCTTCTATT	CTGCCAGCTTAGCAATTTAT	Vic
Cavy 9	(TCT)30	CAGCGATCTTCTATGGAG	TCTTTAATGGTGGGTTTCAG	6-fam
Cavy 10	(AAAG)36	ATGAACTTCAACATGGATGG	CCCTCTGAGATCTTTCCTCT	Pet
Cavy 11	(CT)45	TCAGAAAGCTGGAAATTCAT	AATGTGATGTGCTGAACAGA	Ned
Cavy 12	(AG)34	TCCCTGTTCTTTGCTACAAT	CTGCTTCATAGATCTTGCCT	Vic
Cavy 13	(AGG)34	AGCGAGGCCAGAGTGAGAG	TCCTACACTGCATTGCTTGC	Ned
Cavy 14	(CT)45	AGTGTTGGCAGCTTGATCCT	AGCTCACCAGGGAAAATGTG	Ned
Cavy 15	(AG)33	TTCATGCTACCTGGCACTTG	TTGCAGGCAATATGGCATTA	Vic
Cavy 16	(CT)32	CCAGTGGATTGGGAGACA	CTCACCAAGAATGCAAAGCA	Ned

Ned= jaune,Vic=vert, Pet=rouge, 6-fam=bleu

Tableau 2 : Répartition des paramètres génétiques par locus et par population

Population		Na	Ho	He	Hnb	F	Polymorphisme
Nord-Ouest	Moyenne	6,308	0,386	0.567	0.570	0.307	100%
	Ecart-type	0,559	0,037	0.044	0.044	0.052	
Ouest	Moyenne	5,538	0,399	0.492	0.494	0.175	100%
	Ecart-type	0,475	0,063	0.074	0.074	0.063	
Total	Moyenne	5,692	0,392	0,530	0,532	0,241	
	Ecart-type	0,368	0,036	0,043	0,043	0,042	

Na: nombre d'allèles moyen, Ho : hétérozygotie observée, He : hétérozygotie attendue, Hnb : hétérozygotie observée non biaisée, F : indice de fixation.

Tableau 3: Test d'équilibre de Hardy Weinberg sur les populations de cobayes

Locus	Nord-Ouest	Ouest
cavy2	*	***
cavy3	***	ns
cavy4	***	ns
cavy5	***	***
cavy6	***	***
cavy7	***	***
cavy8	***	***
cavy9	***	***
cavy10	***	***
cavy11	***	***
cavy12	***	***
cavy15	***	***
cavy16	***	***

*ns=non significatif ; * , **, *** : significatif au seuil de 5%, 1% et 0,1%*

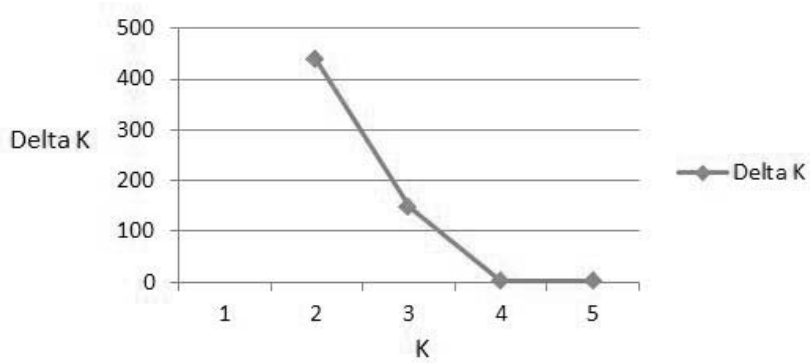


Figure 1: Courbe d'Evanno

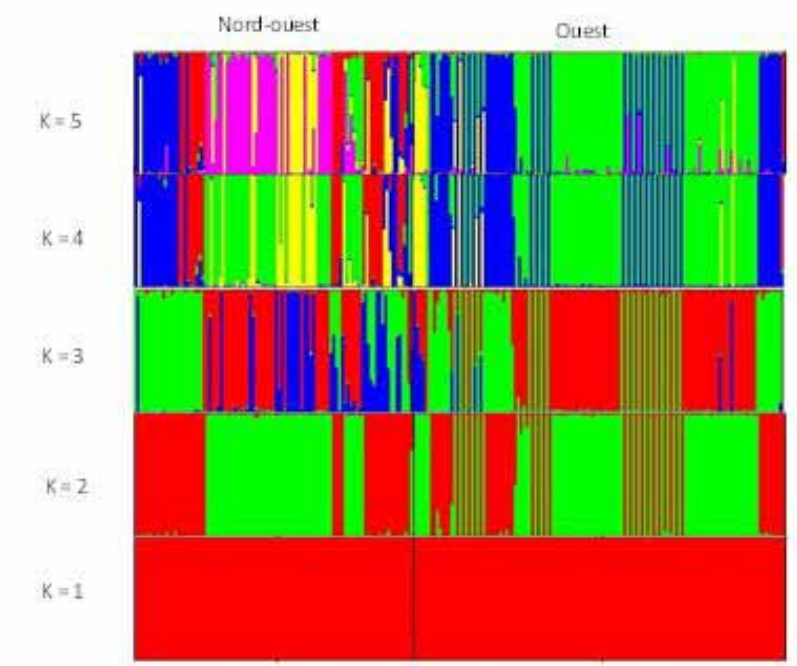


Figure 2 : Structure de la population totale

Tableau 4: Répartition des loci en fonction des coefficients de Wright et du flux de gènes

Loci	Fst	Fis	Fit	Nm
cavy2	0,061*	0,578*	0,604*	3,879
Cavy 3	0,085*	0,541*	0,580*	2,699
Cavy4	0,040*	0,327*	0,354*	5,932
Cavy5	0,009*	0,371*	0,376*	28,735
Cavy6	0,013*	0,355*	0,363*	18,687
Cavy7	0,020*	0,481*	0,491*	12 ,456
Cavy8	0,028*	-0,060	-0,030	8,644
Cavy9	-0,002	0,174*	0,172*	143.207
Cavy10	0,036*	0,369*	0,392*	6,624
Cavy11	0,094*	0,067*	0,154*	2,415
Cavy12	0,029*	0,358*	0,377*	8,330
Cavy15	0,077*	0,461*	0,502*	2,993
Cavy16	0,343*	0,461*	0,646*	0,479
Total	0,073	0,325	0,374	3.190

** : Significatif au seuil 5% Fst=coefficient de différentiation, Fis =Coefficient de consanguinité au sein de chaque population, Fit=coefficient de consanguinité au sein de la population totale, Nm=taux de migration.*

Tableau 5 : Distance et identité génétiques entre les populations de cobayes des Hautes Terres de l'Ouest-Cameroun

	Nord-Ouest	Ouest
Nord-Ouest		0,879
Ouest	0, 129	

Tableau 6: Analyse de la Variance Moléculaire (AMOVA) dans la population globale

Sources de variation	ddl	Somme des Carrés des Ecarts	Carré Moyen	Estimation de la Variance	%
Entre les 2 Populations	1	68,949	68,949	0,289	7%
Entre les Individus d'une même population	224	1095,343	4,890	1,199	30%
Entre les Individus de la population totale	226	563,000	2,491	2,491	63%
Total	451	1727,292		3,980	100%

séparent les différentes populations étudiées. En effet, la population du Nord-ouest serait constituée de deux types génétiques distincts (couleur rouge et verte) mais équivalent en terme de population. Cependant pour ce qui est de la région de l'Ouest quoique constitué de deux génétiques, le groupe représenté par le vert est le plus dominant. La meilleure structuration est obtenue à K=2.

Discussion

Le nombre total d'allèles trouvé dans la population de cobayes des hautes terres de l'Ouest (12) est trois fois inférieur à celui (35) trouvé par Burgos et al, (2011) chez les cobayes de Colombie et par Ayagirwe (2014) sur les cobayes de la zone agroécologique monomodale du Sud Cameroun ; mais ce nombre d'allèles reste supérieur de à ceux trouvé par Kanitz et al, (2009) et par Asher et al, (2008) soit 10. Le nombre moyen d'allèle était respectivement de 5,538 et 6,308 pour les populations de l'Ouest et du Nord-Ouest et ce résultat est inférieur à celui trouvé par Kanitz et al, (2009) où le nombre moyen d'allèles de 8,5 et 6,3 respectivement pour C. apera et C. magna et supérieur à ceux trouvé par Ayagirwe (2014) dans les localités étudiées de la zone momomodale du Sud Cameroun. Ce résultat serait dû aux conditions climatiques qui diffèrent d'une région à une autre, à la taille de l'échantillon de la population étudiée et au nombre de marqueurs utilisés La richesse allélique d'une race, définie comme le nombre d'allèles présents à un locus donné, est connue pour dépendre de la taille de l'échantillon, puisque les chances de découvrir un nouvel allèle augmentent chaque fois qu'un nouvel individu est observé. Les causes génétiques possibles de la diversité allélique sont cependant diverses, puisque les facteurs classiques de l'évolution génétique, dérive, sélection, mutation et migrations peuvent aussi influencer la richesse allélique (Foulley et olivier, 2006).

L'hétérozygotie attendue est supérieur à celle observée dans les deux régions. Cette supériorité traduit un déficit en hétérozygotie dans la population. Ces résultats sont semblables à ceux trouvés par Burgos et al, (2011) mais contraire à ceux trouvés par Asher et al, (2008) et sa moyenne est inférieur de 0,633 à celle de Kanitz et al, (2009), traduisant un déficit en hétérozygotie. Les taux d'hétérozygoties non biaisée et obsevée sont supérieurs à celles trouvé en 2014 par Ayagirwe dans la zone monomodale du Sud Cameroun. Le polymorphisme indique l'efficacité des loci de microsatellites utilisés pour l'analyse de la diversité génétique des populations utilisées. Tous les loci sont en déséquilibre de Hardy Weinberg dans la population totale, excepté les loci cavy 3 et 4 de la région de l'Ouest. Pour

qu'il y ait équilibre de Hardy-Weinberg, il faut que : la taille de la population que la taille de la population soit suffisamment grande pour que des accouplements se fassent au hasard, pour qu'il n'y ait ni de migration, ni de sélection, ni de mutation et ni de chevauchement entre générations. Ceci s'expliquerait par la faible taille du cheptel camerounais de cobaye qui est en moyenne de 7 par ménage (Manjeli, 1998). Suite à cette faible taille, il peut ne pas avoir des croisements au hasard, c'est la raison de déséquilibre de la loi de Hardy Weinberg. Nos résultats sont comparables à ceux trouvés par Ayagirwe (2014) où tous les loci étaient en déséquilibre de Hardy Weinberg excepté le locus cavy3, ainsi que chez trois races de cobayes (local, améliorée et apprivoisé) de Colombie où 4 loci sur 5 étaient en déséquilibre de Hardy Weinberg Burgoz et al, (2011) et sont contraires à ceux trouvés par Kanitz et al (2009) où seulement 25% des 12 loci étaient en déviation de l'équilibre de Hardy Weinberg. Le coefficient de différenciation (Fst) étant compris entre 0,05 et 0, 15, montre que la différentiation est donc modérée (Wright, 1978). En moyenne, le coefficient de consanguinité au sein d'une population est inférieur à celui de la population totale. Ces coefficients de consanguinité des loci sont supérieurs à 20% excepté les loci 8 et 11. Ce résultat montre que la consanguinité est étroite, ce qui peut entrainer à la longue une diminution de la prolificité des cobayes (Manjeli, 2005). Le flux d'échange en moyenne est de 3,190 et traduit un échange de gènes entre la population de cobayes. Ce résultat pourrait s'expliquer par le fait que les populations de cobayes de cette zone sont génétiquement liées. Ce qui explique cette liaison, c'est la distance génétique entre la population du Nord-Ouest et celle de l'Ouest. Les deux populations de cobayes étant plus identiques que différentes selon la faible distance génétique trouvée entre elles. Ce résultat est semblable à celui trouvé par Ayagirwe (2014) dans la zone monomodale du Sud Cameroun où l'identité est 80%. Ceci pourrait être dû au fait que l'élevage des cobayes a commencé dans la partie Nord-Ouest et s'est propagé avec le temps dans l'Ouest et au voisinage des deux régions qui entraine des échanges des animaux d'où la ressemblance génétique (Nuwanyakpa et al, 1997).

L'analyse Moléculaire de la Variance (AMOVA) montre que la plus grande variation se trouve au sein des individus de toute la population. Ceci s'expliquerai par le fait qu'il ya eu des croisements entre les cobayes de l'Ouest et ce du Nord-Ouest car les deux régions sont voisines (Nuwanyakpa et al, 1997). Ce résultat est comparable à celui trouvé dans la zone monomodale du Sud Cameroun où une forte variabilité (68%) a été observée entre les individus de la population totale (Ayagirwe, 2014) et à celui trouvé en Colombie par Solarte-Portilla et al, (2007) qui trouve une forte variabilité entre les individus de la population totale supérieur à 72%. L'existence de deux groupes génétiques s'expliquerait par le fait que ces sous populations appartiennent à deux régions (Ouest et Nord-Ouest) de la zone agro-écologique différentes en termes d'altitude. Car elle est plus élevée à l'Ouest que dans le Nord-Ouest. Ces deux groupes génétiques sont fonctions des altitudes. Ce résultat n'exclu pas des mélanges de sous-population dus à des reproductions non contrôlées des cobayes de cette zone et au fait que les deux régions sont frontalières ce qui peut entrainer des échanges de cobayes sur les marchés (Nuwanyakpa et al, 1997). Ce résultat est contraire à celui trouvé par Ayagirwe (2014) dans la zone monomodale du Sud Cameroun où il trouve trois groupes génétiques.

Conclusion

L'utilisation des marqueurs microsatellites a pu donner des informations sur les paramètres génétiques et le nombre de groupe génétique des cobayes de la zone agroécologique des Hautes Terres de l'Ouest-Cameroun et révéler une grande diversité génétique. Des études approfondies ultérieures sont envisagées sur la génétique du cobaye en prenant en compte un plus grand nombre d'échantillons pour avoir une idée des allèles observables et les caractéristiques phénotypes pour faire des corrélations avec les paramètres

génétiques dans le but d'établir un programme d'amélioration génétique de l'espèce.

Remerciements :

Ce travail a été entièrement financé par Projet Cobaye ILRI-CSIRO CSI002-GUI de l'Université de Dschang et ses partenaires Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization (CSIRO) et BecA-ILRI (Bioscience eastern and central Africa-International Livestock Research Institute).

Références bibliographiques :

Ayagirwe BBR., 2014. Diversité génétique et structure de la population des cobayes dans la zone agroécologique monomodale du Sud Cameroun. Thèse de Master à la Faculté d'Agronomie et des Sciences Agricoles de l'Université de Dschang.

Burgos-Paz W, Mario C, and Solarte-Portilla C, 2011. Genetic diversity and population structure of guinea pig (Cavia porcellus, Rodentia, Cavidae) in Colombia. Genetics and molecular biology, 34(4), 711-718. P1-6

Burgos-Paz W, Rosero C, et Solarte-Portilla C, 2007. Estudio de la diversidad genetica de tres poblaciones de cavia porcellus Lin. (Rodentia caviidae) mediane el marcador molecular RAPD. Rev. Colomd Cienc Pecu 20 :584

Canon J, Alexandrino P, Bessa I, Carleos C, Carreteo Y, Dunner S, Ferran N, Garcia D, Jordana J, Laloé D, Pereina A, et Mozami-Goudarzi K, 2001. Genetic diversity measures of local beef cattles for conservation purposes. Genet. Set. Evol., 33(3): 331-332.

Crow J, Kimura M, 1970. An introduction to population genetics theory. Harper and Row, 591p.

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

FAO, 2007. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, Rome

Foulley J-L. et Olivier L., 2006. Diversité génétique et richesse allélique. Renc. Rech. Ruminants 227 (13), 1-10p.

Fotso JM, Ngou Ngoupayou JD, Kouonmenioc J, 1995. Performances expérimentales des cobayes élevés pour la viande au Cameroun. Cahiers Agricultures (4) 65-69p.

Kanitz R, Fritz T, Sandro LB, 2009. Characterization of 16 microsatellite loci for the south american rodents Cavia magna and C. aperea. Conservation Genet Resour DOI 10. 1007/s12686-9011-1.

Manjeli Y, Tchoumboue J, Njwe RM, Teguia A, 1998. Guinea-pig productivity under traditional management. Tropical Animal Health and Production 30(2), 115-122.

Manjeli Y, 2005. Elément d'amélioration génétique des animaux domestiques. 79p.

Maudet C, Miller C, Bassano B, Breitenmoser-Würsten C, Gauthier D, Obexer-Ruff G, Michallet J, Taberlet P, Luikart G, 2002. Microsatellite DNA and recent statistical methods in wildlife conservation management: Applications in Alpine ibex (Capra ibex ibex). Molecular Ecology 11 (3) : 421-436.

Mburu, DN, Ochieng, JW, Kuria SG, Jianlin H, Kaufmann B, 2003. Genetic diversity and relationships of indegenous camel populations: implication for their classification. Anim. Genet., (34), 26-32.

Mullis K, Facoma F, Scharf S, Snikl R, Horn G, Erlish H, 1986. Specific amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. Cold Sping Harbor Symposium Quantitative Biology (51) 260p.

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

Ngou Ngoupayou JD, Kouonmenioc J, Fotso, JM, Tagny, Cicogna M, Castroville C, Rigoni M, Hardouin J, 1994. Possibilités de développement de l'élevage du cobaye en Afrique subsaharienne: le cas du Cameroun. WAR/RMZ, (83) 10p.

Nidup, Moran, 2011. Genetic diversity of domestic pigs as revealed by microsatellites. A mini review.

Nuwanyakpa M, Lukefahr SD, Gudahl D, Ngou Ngoupayou JD, 1997 The current stage and future prospects of guinea pig production under smallholder conditions in West Africa: 2. Cameroon case. Livestock Research for Rural Development. 9(5). http://lrrd.cipav.org.co/lrrd9/5/gp952.htm. (05/03/2013).

Peakall R, Smouse PE, 2012. GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. Bioinformatics In press.

Rege JEO, Gibson JP, 2003. Animal genetic resources and economic development: issues in relation to economic valuation. Ecol. Econ. 45, 319-330.

Spotorno AE, Marín JC, Manríquez G, Valladares J.P, Rico E, Rivas C, 2006. Ancient and modern steps during the domestication of guinea pigs (Cavia porcellus L.). Journal of Zoology, (270) 57-62..

Spotorno AE, Valladares JP, Martin JC, Zeballos H, 2004. Molecular diversity among domestic guinea-pigs (Cavia porcellus) and their close phylogenetic relationship with the Andean wild species Cavia tschudii. Rev Chil Hist Nat (77) 243–250.

Wright S, 1978. Evolution and the genetics of populations. Variability within and among natural populations. Chicago, IL, USA: University of Chicago Press.

Director of Publication
Prof. Ahmed Elsawalhy

Editor in Chief
Dr. Simplice Nouala

Editors
Dr. Edward Musiwa Nengomasha
Prof. James Wabacha
Dr. Mohamed Batu Duramany Seisay
Dr. N'Guetta Austin Bosso

Reviewers
Prof. Abdu Ayuba Paul
Prof. Abdullahi Alhaji Magaji
Dr. Adama Sow
Prof. Adel Abdel Azeem Mahmood Fayed
Dr. Amadou Traore
Prof. Ayayi Justin Ayih-Akakpo
Prof. Bassirou Bonfoh
Dr. Benedicta O. Mbu Oben
Prof. Benjamin Obukowho Emikpe
Dr. Bockline Omedo Bebe
Dr. Cyprien F. Biaou
Prof. Etienne Pamo Tedonkeng
Dr. Gilbert Komlan AKODA
Dr. Henri Kabore
Dr. Jacques Somda
Dr. James Okwee-Acai
Dr. Jean Marcel Mandeng
Dr. Jean Claude Fotsa
Prof. John David Kabasa
Prof. John Osita Arinze Okoye
Dr. Joseph Simbaya
Dr. Komlan AKODA
Dr. Langelihle Simela
Prof. Malek Zrelli
Dr. Norber Mbahin
Prof. Osama Rajab Mohamed Elwaer
Dr. Patrick Irungu
Dr. Samuel Wakhusama
Dr. Sarah Ossiya
Prof. Serge Niangoran Bakou
Dr. Tadele Tolosa Fulasa
Prof. Tarnagda Zekiba
Prof. Timothy Uzochukwu Obi
Dr. Unesu Ushewokunze-Obatolu
Dr. William Olaho Mukani

Editors, Special Edition 2015
African Animal Genetics Resources Project:
Simplice Nouala, Edward Musiwa Nengomasha, Mary N Mbole-Kariuki, N'Guetta Austin Bosso and Pissang Tchangai Dademanao.

AFRICAN UNION - INTERAFRICAN BUREAU FOR ANIMAL RESOURCES (AU-IBAR)

Bulletin of Animal Health and Production in Africa
Guide for Preparation of Papers
Notes to Authors

The Editor in Chief
January 2013

Aims and scope
The Bulletin of Animal Health and Production in Africa (BAHPA) of the African Union Interafrican Bureau for Animal Resources (AU-IBAR) is a scientific journal which publishes articles on research relevant to animal health and production including wildlife and fisheries contributing to the human wellbeing, food security, poverty alleviation and sustainable development in Africa. The bulletin disseminates technical recommendations on animal health and production to stakeholders, including policy makers, researchers and scientists in member states. The Bulletin is the African voice on animal resources issues specific to Africa.

The Bulletin of Animal Health and Production publishes articles on original research on all aspects of animal health and production, biotechnology and socio-economic disciplines that may lead to the improvement animal resources. Readers can expect a range of papers covering well-structured field studies, manipulative experiments, analytical and modeling studies of the animal resources industry in Africa and to better utilization of animal resources.

The BAHPA encourages submission of papers on all major themes of animal health and production, wildlife management and conservation, including:

- Veterinary microbiology, epidemiology
- Marketing, economics
- Infectious and non infectious disease
- Parasitology
- Genetic improvement and biotechnology
- Animal production, nutrition and welfare
- Science and policy in animal health and production
- Beekeeping and honey bees
- Ecology and climate change impacts on animal resources in Africa
- wildlife management
- Fisheries and aquaculture development
- Food safety and food hygiene
- One health
- Emerging and re-emerging issues in animal resources
- Biosecurity
- Animal resources trade and value chain
- Socio economics and economics of animal resources development

Language
The language of submission should be either in U.K. English or Standard French. The abstract is translated to the other three languages of the African Union (Arabic, English, French and Portuguese), by the editors, after acceptance. Full articles submitted in French will also be published in English.

Manuscripts Submission
Authors are invited to submit electronically their manuscripts via attachment only at bahpa@au-ibar.org in a secured PDF and word format. Manuscript can be sent by post in case of unavailability of internet services (authors should be aware that in this case it will take longer time to be published).

Authors submitting articles to the BAHPA must follow the guidelines in this document. Submissions that deviate from these guidelines will be returned to the corresponding authors for changes and compliance.

To be considered for publication in the BAHPA, any given manuscript must satisfy the following criteria:

- Originality. BAHPA does not accept manuscripts that have already been published elsewhere. However, studies that replicate results that are already in the literature may be considered for publication, as the independent confirmation of results can often be valuable, as can the presentation of a new dataset.
- Audience. Manuscripts submitted must be of broad interest to animal health and production professionals in general, they must capture and hold readers' attention.
- Usefulness. Manuscripts submitted must help researchers, trainers, educators and policy makers in all regions of Africa improve their effectiveness.
- Rigorous methodology. Manuscripts submitted must be based on valid and reliable information, documentation or sound concepts, empirically, logically and theoretically supported.
- Well written to ensure clear and effective presentation of the work and key findings. The BAHPA editorial staff does not copyedit the text of accepted manuscripts, it is therefore important for the work, as presented, to be intelligible. Perfect, stylish language is not essential but it must be clear and unambiguous. If the language of a paper is not clear, Academic Editors should recommend that authors seek independent editorial help before submission of a revision. Poor presentation and language is a justifiable reason for rejection.
- Experiments, statistics, and other analyses performed are described in sufficient detail. The research must have been performed to a technical standard to allow robust conclusions to be drawn from the data. Methods and reagents must also be described in sufficient detail so that another researcher is able to reproduce the experiments described.
- Conclusions are presented in an appropriate fashion and are supported by the data. The results must be interpreted appropriately, such that all conclusions are justified. However, authors may discuss possible explanations for their results as long as these are clearly identified as speculations or hypotheses, rather than as firm conclusions. Inappropriate interpretation of results is a justifiable reason for rejection.
- The research meets all applicable standards for the ethics of experimentation and research integrity. Research to be published must have been conducted to the highest ethical standards. A brief description of the most common of these is described in our Editorial and Publishing Policies.
- Because the guidelines are updated as appropriate, authors should check them again before they submit their articles. Manuscripts submitted for publication will be considered for acceptance on the understanding that they present original work which has not been published or submitted for publication elsewhere and that they are subject to peer review.

Types of contribution
Full papers providing accounts of original work: Research containing significant new findings. The material presented should be original and not have been published elsewhere, except in a preliminary form. Papers will be reviewed by three referees familiar with the subject matter of the paper.

Short Communications: are intended to provide quick publication of highly relevant and interesting information. Manuscripts will be peer reviewed by two reviewers and the Editor.

Review Articles: should cover subjects falling within the scope of the bulletin, which are of active current interest. Papers need not contain original work or ideas. They will be reviewed for completeness, accuracy, style and suitability of content by referees familiar with the subject and the Editor-in-Chief..

Editorial: articles are short articles describing news about the bulletin or the opinion of the editor-in-chief, the publisher or a guest editor of a thematic series.

Letters to the Editor: the bulletin welcomes letters to the editor. The purpose of Letters to the Editor is to provide a forum for positive and constructive views on articles and matters published in the bulletin. Letters to the Editor must not exceed 300 words. Letters to the editors include technical reports from countries or projects.

Key notes and special calls: The editor will, from time, invite selected key figures in the field of animal health and production for key notes on specific topics. Book Reviews: are accepted and should provide an overview of the work's contents and a critique of the work's value. Book reviews should be limited to 1000 words.

Conference Proceedings: Special Issues of the bulletin may be dedicated to publication of proceedings of key meetings/ conferences

Obituary articles to honor prominent African scientists that have made significant contribution to animal resources research and development

News and announcements: BAHPA is pleased to publish information on animal health and production activities/meetings. Please send the following information to the Editor: Date of the event, title, organization offering the event, location and contact information.

Submission Guidelines

Full papers of original research

All manuscripts submitted to BAHPA should include the following features:

1. On cover page of the manuscript, the following should be clearly written/inserted: the corresponding author, name of the institution, , title of the manuscript, names of the authors, the addresses of the authors and the e-mail address of the corresponding author. The corresponding author should ensure that all the other authors consent to their names being included. The consent should be sent directly by co-authors to the editor via email.
2. Each original article should be divided into Abstract and Keywords, Introduction, Materials and Methods, Results, Discussion, conclusion, Acknowledgments and References. A textbox containing a public brief on the study for the benefit of policy makers should also be provided. This textbox will not be included in the published article but will be compiled and published in a separate edition at the end of the year.
3. Title, which should be concise, preferably not more than 15 words long, followed by the author(s) name(s) and institution(s) to which work should be attributed and address for correspondence, if different.
4. The Abstract should not be longer than 300 words giving a synopsis of the work and should contain the objectives, briefs description of materials and methods, highlights of significant results, conclusions and recommendations. Up to six keywords should be provided..
5. The Introduction should contain the problem statement, the hypothesis and the objective of the work and cite recent important work undertaken by others.
6. Materials and Methods should describe materials, methods, apparatus, experimental procedure and statistical methods (experimental design, data collection and data analysis) in sufficient detail to allow other authors to reproduce the results. This part may have subheadings. The experimental methods and treatments applied shall conform to the most recent guidelines on the animal's treatment and care. For manuscripts that report complex statistics, the Editor recommends statistical consultation (or at least expertise); a biostatistician may review such manuscripts during the review process. Cite only textbooks and published article references to support your choices of tests. Indicate any statistics software used.
7. Results should be presented clearly and concisely, in a non-repetitive way. Subheadings may be accepted.
8. Discussion of significance should be focused on in the interpretation of results. Subheadings are not accepted in this section.
9. Acknowledgements. Where necessary acknowledgements of grants and technical assistance should be included under this heading. . Please also include any potential conflict of interests if appropriate. Suppliers of materials should be named and their location (town, state/county, country) included.
10. State the conclusions, and any implications that may be drawn from the study.

Short Communications: Manuscripts should contain original data and be limited to 1500 words. The number of tables and figures are limited to two. A limited number of references should be included. Headings are not allowed in short communications.

Sequence of Preparation

1. The data files must be PC/Windows-compatible. The text should be prepared using standard software (Microsoft Word) format; do not use automated or manual hyphenation. Please do not include footnotes.
2. Use Times New Roman 12 point font for all text except for tables and figures where Times New Roman 10 font should be used.
3. Use 1 inch margins on top, bottom, left and right margins,
4. Every line on the text should be numbered.
5. Use double line spacing for body of text. For Abstract, Figures, Tables and References use single line spacing.
6. Place page numbers in the lower right hand corner of your manuscript.
7. Run "the spell check" and "grammar check" on the entire file before submission using either the UK English or French standard.
8. Avoid using abbreviations for the names of concepts. Use ordinary words for variable names – not code names or other abbreviations. Use the same name for a variable throughout your text, tables, figures and appendices. Names of organizations and research instruments may be abbreviated, but give the full name (with abbreviation in brackets) the first time you mention one of these.
9. References should take the following form: In the text, a reference identified by means of an author's name should be followed by the date of the reference in parentheses. When there are more than two authors, only the first author's name should be mentioned, followed by '*et al.,*'. In the event that an author cited has had two or more works published during the same year, the reference, both in the text and in the reference list, should be identified by a lower case letter like 'a' and 'b' after the date to distinguish the works. Examples: Abayomi (2000), Agindotan *et al.,*. (2003), (Kelebeni, 1983), (Usman and Smith, 1992), (Chege, 1998; Chukwura, 1987a,b; Tijani, 1995, 1993), (Kumasi *et al.,* 2001)

The use of reference managing software is encouraged

The authors should be cited in a chronological order by year and then by a or b; in the reference list they should be listed alphabetically.

Please ensure that references in the text exactly match those in the manuscript's reference list. Check each reference in the text to see that you have the complete citation in the reference section of the paper in the desired style. In the references section, references are listed in alphabetical order.

Examples of References

- *Journal Articles:* Ouyang D, Bartholic J, Selegean J, 2005. Assessing sediment loading from agricultural croplands in the Great Lakes basin. Journal of American Science, 1(2): 14-21.
- *Books:* Durbin R, Eddy SR, Krogh A, Mitchison G, 1999. Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids. London, Cambridge University Press.

- *Chapter in a Book:* Leach J, 1993. Impacts of the Zebra Mussel (Dreissena polymorpha) on water quality and fish spawning reefs of Western Lake Erie. In Zebra Mussels: Biology, Impacts and Control, Eds., Nalepa T, Schloesser D, Ann Arbor, MI: Lewis Publishers, pp: 381-397.
- *Reports:* Makarewicz JC, Lewis T, Bertram P, 1995. Epilimnetic phytoplankton and zooplankton biomass and species composition in Lake Michigan, 1983-1992. US EPA Great Lakes National Program, Chicago, IL. EPA 905-R-95-009.
- *Conference Proceedings:* Stock A, 2004. Signal Transduction in Bacteria. In the Proceedings of the 2004 Markey Scholars Conference, pp: 80-89.
- *Thesis:* Strunk JL, 1991. The extraction of mercury from sediment and the geochemical partitioning of mercury in sediments from Lake Superior, Unpublished PhD thesis, Michigan State University, East Lansing, MI.
- *Web links:* Cerón-Muñoz M F, Tonhati H, Costa C N, Rojas-Sarmiento D and Solarte Portilla C 2004 Variance heterogeneity for milk yield in Brazilian and Colombian Holstein herds. Livestock Research for Rural Development. Volume 16, Article #20 Visited June 1, 2005, from http://www.lrrd.org/lrrd16/4/cero16020.htm

Illustrations
Please send the figures as separate files and do not import them into the text file. Put all tables, figures, diagrams and artwork on separate pages. Each figure, table, and bibliographic entry must have a reference in the text. References to tables and figures in the text should be by number and not to "table below" or "figure below". The Editor will place them in the appropriate place in the text of article during the final edit. Tables and figures should be numbered consecutively. Please submit the data for figures in black and white.

Abbreviations, Symbols and Nomenclature
All specifications must be stated according to the S.I. system. Concentrations of chemical solutions are to be given in mol/l. All other concentrations should be given in % (volume or weight). Any abbreviations of chemical, biological, medical or other terms should only be employed when it is certain that they are internationally known. The full name must be stated in brackets when the abbreviation is first used. Names of micro-organisms and zoological names should be italicized in the manuscript.

Ethical guidelines
BAHPA adheres to the below ethical guidelines for publication and research. Experimentation will only be published if such research has been conducted in full accordance with ethical principles. Manuscripts containing experimentations must be accompanied by a statement that the experiments were undertaken with the understanding and written consent of each subject and according to the above mentioned principles. Editors reserve the right to reject papers if there are doubts as to whether appropriate procedures have been used.

1. When experimental animals are used the methods section must clearly indicate that adequate measures were taken to minimize pain or discomfort.
2. All studies using animal subjects should include an explicit statement in the Material and Methods section identifying the review and ethics committee approval for each study, if applicable. Editors reserve the right to reject papers if there is doubt as to whether appropriate procedures have been used.

Revising your article
When you submit a revised version of your article in response to the referees' comments, you must accompany it with a detailed list of the changes made (ignoring typographical errors, but mentioning additional paragraphs, changes to figures, etc) suitable for transmission to the referee. Where changes have been made in response to the referees' remarks it is important to mention this and indicate where they can be found. You may also wish to send in a second copy of your article with the changes marked or underlined.

You should go through the referees' comments and for each comment mention whether you followed their suggestion or whether you disagree and wish to respond to the comment. If a referee has misunderstood a point, it is not necessarily their fault and may have been caused by ambiguity or lack of clarity in your article which needs to be corrected. Some authors copy out each of the referees' comments in turn and include their response immediately after. In other cases responses can be made referring back to the reports. Finally, please make sure that you send your revised article to us and not simply the original version again. This is a common mistake, especially when authors send in their work electronically. Electronic revised articles should contain all text and graphics files needed to generate the revised version, and not just those files that have changed.

By observing these guidelines you will be assisting the referees, who give up their time to review manuscripts. If you prepare your article carefully, this can save valuable time during the publication process.

Appeal of Decision
Authors who wish to appeal the decision on their submitted paper may do so by e-mailing the editorial office with a detailed explanation for why they find reasons to appeal the decision within 14 days.

Proofs
One set of proofs will be sent to the author to be checked for printer's errors and should be returned within three days.

Offprints
25 offprints of each article will be supplied free of charge. Additional offprints may be ordered and paid for at the proof stage. Each extra offprint costs US $5.00.

Subscriptions
The annual subscription fee, including postage (surface mail) and handling is USD 100.00. Air mail charges are available upon request.

Back volumes
Back issues are also obtainable upon request at similar charges.

Desktop Publisher
Mr. Fahim Franz Kremeier