

Diversité et structure génétiques de six populations de pintades locales (*Numida meleagris*) du Burkina Faso

Fabiola G. Traoré¹, Balé Bayala², Moustapha Gréma^{3,4}, Guiguigbaza K. Dayo⁵, Arnaud S.R. Tapsoba¹, Albert Soudré⁶, Moumouni Sanou¹, Rudolf Pichler⁷, Bernadette Yougbaré¹, Michel Kaboré¹, Amadou Traoré^{1*}, Hamidou H. Tamboura¹, Kathiravan Périasamy⁷

¹Institut de l'Environnement et de Recherches Agricoles (INERA), Laboratoire de Biologie et santé animales, 04 BP 8645, Ouagadougou 04, Burkina Faso,

²Université Ouaga I Professeur Joseph Ki-Zerbo, Unité de Formation et de Recherches en sciences de la vie et de la terre, 03 BP 7021 Ouagadougou 03 Burkina Faso. Tél : +226 25 30 70 63

³Faculté des sciences et techniques, Abdou Moumouni University, BP 10960, Niamey, Niger,

⁴Faculté des Sciences Agronomiques, Diffa University, BP 78, Diffa, Niger,

⁵Centre International de Recherches Développement sur l'Élevage en zones Subhumides ; 01 BP 454 Bobo-Dioulasso 01, Burkina Faso. Tél. : +226 20 97 20 53 / 20 97 27 95 ;

⁶Ecole Normale Supérieure, University Norbert Zongo, BP 376, Koudougou, Burkina Faso,

⁷Animal Production and Health Laboratory, Joint FAO/LAEA Division, International Atomic Energy Agency, Vienna, Austria

*Auteur pour les correspondances : Téléphone : +22670429440 ; Fax : +22625340272 ; E-mail : traore_pa@yahoo.fr

Mots clés : diversité génétique, Burkina Faso, pintade, marqueurs microsatellites.

Keywords : genetic diversity, Burkina Faso, Guinea Fowl, microsatellites markers.

1 RÉSUMÉ

Un total de 190 pintades adultes âgées de 6 à 7 mois a été génotypé pour 19 marqueurs microsatellites dans le but d'évaluer la diversité et la structure génétique des pintades locales du Burkina Faso. Une grande variabilité génétique intra population a été observée dans les populations de pintade locale du Burkina Faso avec une diversité génétique élevée ($H_e=0,62$) et un nombre moyen d'allèles observés de 7,16. Les valeurs moyennes du coefficient de consanguinité (F_{IS}) ont été respectivement de 0,098 ; 0,202 ; 0,114 ; 0,114 ; 0,180 et 0,202 pour Gaoua, Tenado, Fada, Tenkodogo, Ouagadougou, Dori et de 0,167 pour l'ensemble de la population étudiée. Le taux global de F_{ST} a montré une faible différenciation génétique entre les populations étudiées, avec 6,9 % de la variation totale attribuée aux différences entre populations. Les tests qualitatifs et quantitatifs d'équilibre de la dérive génétique ont révélé l'absence d'une réduction significative de la taille des populations dans un passé récent. Ces travaux ont révélé une faible structuration génétique indiquant une homogénéité des populations locales de pintade du Burkina Faso. Ces résultats indiqueraient l'existence d'une seule race, malgré la grande diversité génétique intra population observée.

ABSTRACT

A total of 190 Guinea fowl individuals with age ranged between 6 to 7 months have been genotyped for 19 microsatellites markers to assess diversity and genetic structure of local Guinea fowl populations of Burkina Faso. High level of allelic and gene diversity (7.16 and 0.62 respectively) was found in Burkina Faso local Guinea Fowl populations. The mean inbreeding estimates (F_{IS}) within populations were respectively 0.098; 0.202; 0.114; 0.114; 0.180 and 0.202 for Gaoua, Tenado, Fada, Tenkodogo, Ouagadougou, Dori and 0.167 for all the studied population. The global F_{ST} showed a low genetic differentiation among the studied populations, with 6.9% of total variation being attributed to differences between populations. The qualitative and quantitative test for mutation drift equilibrium revealed no bottleneck event in Burkina Faso Guinea Fowl populations in the recent past. This study revealed a weak genetic structuring indicating a homogeneity within the Burkina Faso local Guinea fowl populations. These results would indicate the existence of a single breed, despite the high genetic diversity within populations observed.

2 INTRODUCTION

L'élevage de la pintade locale (*Numida meleagris*) occupe une place importante dans le secteur du développement rural du Burkina Faso. La pintade locale occupe la deuxième place dans la classification préférentielle numérique des espèces avicoles après le poulet (MRA 2011). Cet élevage constitue une activité courante dans l'ensemble du pays le plus souvent en association avec celui du poulet. Comparé au poulet, la pintade a un prix de vente plus élevé, elle apparaît comme un réel potentiel pour réduire la pauvreté rurale (Traoré *et al.*, 2018). En outre, la pintade résiste à la plupart des maladies de la volaille à l'âge adulte et nécessite moins de travail et de gestion que le poulet (Sayila, 2009). Malgré l'importance de cette espèce, on en sait peu sur sa diversité génétique. De nos jours, de plus en plus de travaux sur la variation génétique des espèces de volaille sont entreprises afin de déterminer la structure génétique des populations locales. Cela constitue une première étape importante pour révéler la structuration de ces populations et identifier les ressources génétiques précieuses en vue de leur conservation et utilisation durable. De tels travaux sont facilités par l'utilisation des outils moléculaires, en particulier les marqueurs

microsatellites. Parmi les espèces d'élevage avicole, la plupart des études sur la diversité génétique a concerné le poulet et la caille. Par contre, le génome de la pintade est le moins étudié parmi les espèces de volailles. Des études ont montré que les marqueurs développés pour une espèce peuvent être utilisés chez d'autres. En effet, Primmer *et al.* (1997) ; Richardson *et al.* (2000) ont révélé qu'un échange de marqueurs microsatellites au sein d'espèces aviaires étroitement apparentées est possible. De récentes études ont permis de mettre en évidence qu'un polymorphisme de loci des marqueurs microsatellites développés chez le poulet et la caille a été révélé chez la pintade (Kayang *et al.*, 2002 ; Botchway, 2013 ; Weimann *et al.*, 2016). En Afrique de l'Ouest, de nombreuses études portant sur la variation génétique de la pintade ont été effectuées (Nahashon *et al.*, 2008 ; Botchway, 2013 ; Weimann *et al.*, 2016). Cependant cette étude constitue la première investigation relative à la structuration génétique des populations de pintade locale au Burkina Faso. Le présente étude a donc pour objectif d'évaluer la diversité génétique de la pintade locale du Burkina Faso.

3 MATÉRIEL ET MÉTHODES

3.1 Échantillonnage et extraction d'ADN : Un total de 190 pintades adultes âgés de 6 à 7 mois a été échantillonné de Février à Juin 2017 dans 5 provinces (avec 32 villages) et une population du Kadiogo au Burkina Faso couvrant les 3 sites agro-écologiques du pays: province du Seno (8 villages ; zone Sahélienne : latitude 13°5'N à 15°3'N), provinces du Sanguie (4 villages), du Boulgou (6 villages) et du Gourma, 4 villages (zone Soudano-Sahélienne : latitude 11°3'N à 13itude) et province du Poni (10 villages ; zone Soudanienne : latitude 9e S'N à 11itu'N) (Figure 1). Dans chacune des provinces, les noms des communes/zone d'échantillonnage ont été utilisés pour la codification des échantillons prélevés. Ainsi, le nombre d'individus échantillonné par site est de 33 pintades à Dori, 27 à Fada, 37 à Gaoua, 30 à Ouagadougou, 32 à Tenado et 31 à Tenkodogo. Les élevages ont été choisis par les agents des

services vétérinaires de chaque zone sur les critères suivants : la possession d'au moins 10 têtes de pintade et leur accessibilité. La taille de l'échantillon a été limitée à trois (03) pintades par troupeau, le plus jeune reproducteur mâle et les deux plus vieilles reproductrices, afin de limiter l'apparentement entre les individus échantillonnés. Les éleveurs ont aussi été questionnés sur l'apparentement entre les individus échantillonnés. Sur chaque animal échantillonné, un volume de 2 ml de sang a été prélevé par ponction à la veine alaire dans des tubes EDTA. L'ADN a été extrait du sang total avec un kit de purification, MasterPure DNA Purification Kit (Biozym Illumina Inc, USA) selon les recommandations du fabricant. Les échantillons d'ADN ont été conservés à 4°C jusqu'à l'amplification génique (PCR) et au génotypage.

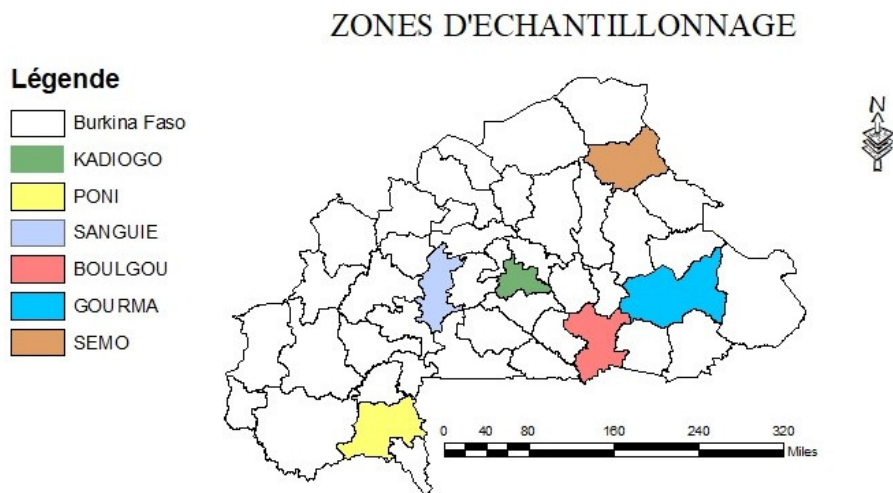


Figure 1 : Carte décrivant les sites d'échantillonnage

3.2 Amplification PCR et génotypage : Une PCR classique a été effectuée pour chacun des 19 marqueurs microsatellites choisis pour cette étude. Les microsatellites suivants ont été choisis : 6 microsatellites (GUJ0084, GUJ0013, GUJ0001, GUJ0066, GUJ0059 GUJ0086) développés par Kayang *et al.* (2002) et Weimann *et al.* (2016) chez la pintade, la caille japonaise, et la poule ; 12 microsatellites (GF75, GF12, GF43,

GF5, GF74, GF69, GF20, GF13, GF168, GF37, GF30, GF151) développés par Bocthway (2013) chez la pintade et un marqueur microsatellite (MCW0069) recommandé par l'ISAG/FAO pour l'étude de la diversité chez la poule. Les microsatellites utilisés (forward primers : sens) ont été couplés avec un des trois colorants fluorescents (FAM, HEX ou ATTO550). Les conditions de la PCR sont les suivantes :



dénaturation initiale de l'ADN à 95°C pendant 15 min, suivie par 40 cycles de dénaturation à 95°C pendant 50 sec, d'hybridation des amorces pour 50 sec à 53°C, 55°C, 57°C, 58°C, 60°C (selon la température optimale d'hybridation de chaque marqueur) et une élongation à 72°C pendant 1 min, avec une élongation finale de 10 min à 72°C. Les produits PCR ont ensuite été soumis à une électrophorèse après multiplexage, dans un analyseur d'ADN automatisé ABI3100 (Applied Biosystems, USA) avec ROX500 (Applied Biosystems, USA) comme marqueur interne de poids moléculaire. Les 19 loci microsatellites ont été multiplexés en cinq panels (4 marqueurs microsatellites pour les 4 premiers panels et 3 marqueurs pour le dernier panel) pour le génotypage, comme indiqué dans le tableau 1. Les tailles des allèles pour chaque échantillon ont ensuite été extraites à l'aide du logiciel GeneMapper v.4.1 (Applied Biosystems, USA).

3.3 Analyses statistiques : Les indices de diversité génétique comme le nombre moyen d'allèles observés (N_a), les taux d'hétérozygotie observé (H_o) et attendu (H_e), les F -statistiques de Wright ont été déterminés en utilisant le logiciel MICROSATELLITE ANALYZER (MSA) version 4.05 (Dieringer et Schlötterer, 2003). Les tests exacts de l'excès et du déficit en

hétérozygotes par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg ont été estimés en utilisant le logiciel GENEPOP version 4.3 (Raymond et Rousset, 1995). Les proportions d'allèles partagés entre individus et entre populations calculés sur MSA ont été utilisées pour construire les arbres phylogénétiques suivant la méthode du Neighbor Joining en utilisant le logiciel PHYLIP version 3.5 (Felsenstein, 1993) et l'arbre a été visualisé en utilisant le programme MEGA version 4.0 (Tamura *et al.*, 2007). Les probabilités d'assignation ont été calculées à partir des méthodes de vraisemblance (Paetkau *et al.*, 1995) et bayésienne (Rannala et Mountain, 1997; Baudouin et Lebrun, 2001) en utilisant le logiciel GENECLASS version 2.0 (Piry *et al.*, 2004). Les populations de pintade ont été testées pour la dérive génétique (mutation drift equilibrium) selon trois approches statistiques (sign test, standardized differences test et Wilcoxon sign rank test) et suivant les 3 modèles d'évolution des marqueurs microsatellites (IAM, TMP, SMM) utilisant le programme BOTTLENECK (Piry *et al.*, 1999). Le graphe pour le test qualitatif de réduction de la taille effective des populations (L-shaped distribution des fréquences alléliques de la courbe normale L) a été fait sur Excel 2013.

4 RÉSULTATS

4.1 Paramètres de variabilité génétique :

Les 19 marqueurs microsatellites utilisés pour caractériser les populations de pintade locale du Burkina Faso se sont révélés être tous polymorphes à l'exception de GUJ0084 qui a été monomorphe dans la population de Ouagadougou (Tableau 1). Un total de 136 allèles a été détecté chez les 190 individus de l'étude. Le nombre d'allèles observés par locus dans la population totale varie de 3 (MCW0069 ; GF151) à 16 (GF13). Le nombre moyen d'allèles observé par locus dans la population totale a été de 7,16 (Tableau 1). D'une localité à l'autre, ce nombre moyen d'allèles est sensiblement le même. Le plus

faible nombre moyen d'allèles observé a été détecté dans la population de Dori avec 4,053 allèles. Le taux d'hétérozygotie observé (H_o) dans la population totale varie de 0,205 (GUJ0084) à 0,989 (GF151) avec une moyenne de 0,48. Le taux d'hétérozygotie attendu (H_e) varie de 0,296 (GUJ0084) à 0,840 (GUJ0059) avec une moyenne de 0,62. Par ailleurs, 89 % des loci présentent un excès d'hétérozygotie ($H_o > H_e$) (Tableau 2). Le Contenu Informatif du Polymorphisme (PIC) varie de 0,259 (GUJ0084) à 0,818 (GUJ0059) avec une valeur moyenne de 0,55. En outre, 7 marqueurs sur 19 avaient une valeur du PIC inférieur à 0,5 (Tableau 3).



Tableau 1 : Détails des marqueurs microsatellite et diversité allélique des 6 populations de pintade du Burkina Faso. Dori (DOR), Fada (FAD), Gaoua (GAO), Ouagadougou (OUA), Tenado (TEN), et Tenkodogo (TNK).

Locus	Panel multiplexe	T°C d'optimisation	Dye	Na global	n Nombre d'allèles observés par population					
					DOR	FAD	GAO	OUA	TEN	TNK
GF12	1	60	FAM	10	7	7	6	6	5	5
GF43	1	55	HEX	7	5	5	5	5	6	4
GF75	1	57	FAM	6	3	5	4	3	3	3
GUJ0084	1	55	ATTO550	4	2	3	3	1	3	2
GF5	2	55	ATTO550	5	3	3	4	4	3	3
GF74	2	60	FAM	7	4	6	5	6	5	5
GUJ0013	2	55	FAM	9	4	5	5	5	8	4
MCW0069	2	53	HEX	3	2	3	2	2	2	2
GF20	3	55	FAM	4	4	3	3	3	4	4
GF69	3	57	ATTO550	8	7	5	6	6	7	6
GUJ0001	3	58	FAM	5	3	4	2	3	4	5
GUJ0066	3	53	HEX	14	4	6	7	7	9	8
GF13	4	55	FAM	16	5	9	10	6	6	8
GF168	4	55	FAM	6	6	3	3	3	4	3
GUJ0059	4	53	HEX	13	7	8	8	10	6	7
GF151	5	60	FAM	3	2	2	2	3	2	2
GF30	5	5	HEX	5	4	3	2	3	2	3
GF37	5	60	ATTO550	6	3	3	3	6	4	2
GUJ0086	5	55	FAM	5	2	3	4	4	3	3
Moyenne				7,158	4,053	4,526	4,421	4,526	4,526	4,158



Tableau 2 : Hétérozygotie observée (H_o), hétérozygotie attendue (H_e) et coefficient d'estimation de la consanguinité (F_{IS}) des différents loci dans chaque population

Locus	DORI			FADA			GAOUA			OUAGA			TENADO			TENKODOGO		
	Ho	He	F _{IS}	Ho	He	F _{IS}	Ho	He	F _{IS}	Ho	He	F _{IS}	Ho	He	F _{IS}	Ho	He	F _{IS}
GF12	0,61	0,71	0,14	0,63	0,66	0,04	0,54	0,48	-0,13	0,77	0,70	-0,10	0,69	0,69	0,001	0,61	0,75	0,18
GF43	0,24	0,59	0,59	0,44	0,50	0,11	0,43	0,63	0,31	0,50	0,71	0,29	0,53	0,77	0,31	0,48	0,63	0,23
GF75	0,30	0,44	0,30	0,59	0,70	0,15	0,49	0,52	0,06	0,50	0,59	0,15	0,75	0,62	-0,21	0,32	0,53	0,39
GUJ0084	0,33	0,42	0,19	0,44	0,51	0,12	0,03	0,08	0,66	0,00	0,00	-	0,06	0,12	0,48	0,42	0,43	0,02
GF5	0,52	0,57	0,09	0,52	0,59	0,11	0,65	0,55	-0,19	0,57	0,56	-0,03	0,56	0,60	0,05	0,74	0,61	0,22
GF74	0,67	0,69	0,03	0,67	0,75	0,11	0,59	0,67	0,10	0,40	0,68	0,41	0,75	0,67	-0,14	0,52	0,70	0,26
GUJ0013	0,52	0,67	0,22	0,70	0,67	0,07	0,38	0,42	0,09	0,63	0,56	-0,14	0,47	0,61	0,23	0,52	0,55	0,05
MCW006	0,45	0,36	-0,29	0,41	0,43	0,04	0,46	0,51	0,09	0,53	0,47	-0,14	0,34	0,36	0,05	0,32	0,50	0,36
9	0,36	0,52	0,30	0,48	0,59	0,18	0,49	0,51	0,04	0,30	0,47	0,36	0,50	0,67	0,25	0,55	0,70	0,21
GF20	0,30	0,70	0,57	0,52	0,70	0,25	0,32	0,80	0,59	0,50	0,80	0,37	0,69	0,80	0,13	0,48	0,74	0,34
GF69	0,03	0,14	0,79	0,19	0,35	0,47	0,19	0,29	0,35	0,50	0,57	0,12	0,50	0,54	0,06	0,20	0,48	0,60
GUJ0001	0,00	0,63	1,00	0,37	0,73	0,49	0,57	0,81	0,30	0,20	0,76	0,74	0,16	0,77	0,80	0,29	0,73	0,60
GF13	0,67	0,73	0,08	0,74	0,81	0,08	0,24	0,60	0,59	0,23	0,45	0,48	0,19	0,31	0,29	0,65	0,77	0,16
GF168	0,30	0,63	0,51	0,11	0,61	0,81	0,35	0,54	0,35	0,23	0,59	0,61	0,13	0,65	0,81	0,13	0,61	0,79
GUJ0059	0,64	0,80	0,20	0,74	0,82	0,09	0,73	0,80	0,08	0,47	0,76	0,39	0,72	0,80	0,11	0,61	0,77	0,20
GF151	0,97	0,51	-0,94	1,00	0,51	-1,00	1,00	0,51	-1,00	1,00	0,51	-1,00	1,00	0,51	-1,00	1,00	0,51	-1,00
GF30	0,61	0,57	-0,06	0,41	0,55	0,25	0,68	0,51	-0,35	0,40	0,52	0,23	0,47	0,45	-0,06	0,42	0,52	0,19
GF37	0,33	0,37	0,09	0,52	0,60	0,13	0,57	0,53	-0,07	0,27	0,55	0,52	0,56	0,64	0,11	0,52	0,42	0,24
GUJ0086	0,48	0,50	0,03	0,67	0,57	-0,19	0,59	0,59	-0,01	0,50	0,60	0,16	0,50	0,60	0,15	0,55	0,54	0,02
Moyenne	0,43	0,55	0,20	0,53	0,61	0,11	0,48	0,54	0,09	0,44	0,57	0,18	0,43	0,55	0,20	0,53	0,61	0,11
	8	5	2	4	3	4	9	5	8	7	1	0	8	5	2	4	3	4



Tableau 3 : F statistiques globales et le PIC des différents loci parmi les populations de pintade de Dori, Fada, Gaoua, Ouagadougou, Tenado et Tenkodogo.

Locus	Ho	He	F _{IS}	F _{IT}	F _{ST}	P-value	PIC
GF12	0,637	0,685	0,036	0,077	0,043	0,0001	0,642
GF43	0,437	0,746	0,324	0,430	0,156	0,0001	0,7
GF75	0,489	0,604	0,132	0,200	0,078	0,0001	0,521
GUJ0084	0,205	0,296	0,183	0,326	0,175	0,0001	0,259
GF5	0,595	0,590	-0,027	-0,005	0,022	0,0144	0,501
GF74	0,600	0,704	0,134	0,151	0,021	0,0033	0,667
GUJ0013	0,526	0,602	0,084	0,133	0,054	0,0001	0,551
MCW0069	0,421	0,505	0,043	0,188	0,152	0,0001	0,382
GF20	0,447	0,625	0,225	0,295	0,090	0,0001	0,56
GF69	0,463	0,807	0,392	0,433	0,067	0,0001	0,778
GUJ0001	0,263	0,453	0,332	0,434	0,154	0,0001	0,401
GUJ0066	0,268	0,782	0,641	0,660	0,055	0,0001	0,758
GF13	0,442	0,672	0,275	0,354	0,109	0,0001	0,646
GF168	0,216	0,619	0,648	0,653	0,014	0,1237	0,539
GUJ0059	0,653	0,840	0,180	0,232	0,063	0,0001	0,818
GF151	0,989	0,507	-0,958	-0,958	0,000	0,2992	0,383
GF30	0,505	0,527	0,029	0,044	0,016	0,0712	0,413
GF37	0,463	0,563	0,106	0,191	0,095	0,0001	0,472
GUJ0086	0,547	0,568	0,031	0,038	0,007	0,1850	0,474
Moyenne	0,482	0,616	0,167	0,225	0,069	0,0001	10,47

3.3 Équilibre de Hardy-Weinberg : Pour l'ensemble des populations, seuls 10,5 % des loci présentent des valeurs négatives de F_{IS} . La valeur moyenne de F_{IS} global est de 0,167 (Tableau 3). Les 6 populations présentent des valeurs de F_{IS} positifs plus ou moins élevés ($F_{IS} = 0,098$ pour Gaoua ; $F_{IS} = 0,202$ pour Tenado ; $F_{IS} = 0,114$ pour Fada ; $F_{IS} = 0,114$ pour Tenkodogo ; $F_{IS} = 0,180$ pour Ouagadougou et $F_{IS} = 0,202$ pour Dori) indiquant un déficit en hétérozygotes. Le test d'équilibre de Hardy-Weinberg (HWE) a révélé des déviations significatives ($P < 0,05$) due à un déficit en hétérozygote dans 6 loci de la population de Dori, 7 loci de la population de Fada, 4 loci de la population de Gaoua, 8 loci de la population de Ouagadougou, 6 loci de la population de Tenado et 8 loci de la population

de Tenkodogo (Tableau 4). Parmi ceux-ci, les loci GF69 et GUJ0066 dévient significativement chez les six populations de pintade. Six des 19 loci étudiés ne s'écartent pas de l'HWE ($P > 0,05$). Le test HWE pour l'excès d'hétérozygotie a révélé des déviations significatives ($P < 0,05$) au locus (GF151) dans les populations de Dori, Fada, Ouagadougou, Tenado et Tenkodogo et dans 3 loci (GF12, GF3 et GF151) dans la population de Gaoua (Tableau 4). En résumé, sur 57 combinaisons locus X population testées dans cette étude, 68,42 % déviaient significativement de l'équilibre d'HWE en raison d'un déficit d'hétérozygotes, tandis que 12,28 % déviaient significativement en raison d'un excès d'hétérozygotes.

Tableau 4 : Test pour l'équilibre statistique de Hardy-Weinberg au niveau des différents marqueurs microsatellite dans les dans les populations de pintade locale du Burkina Faso

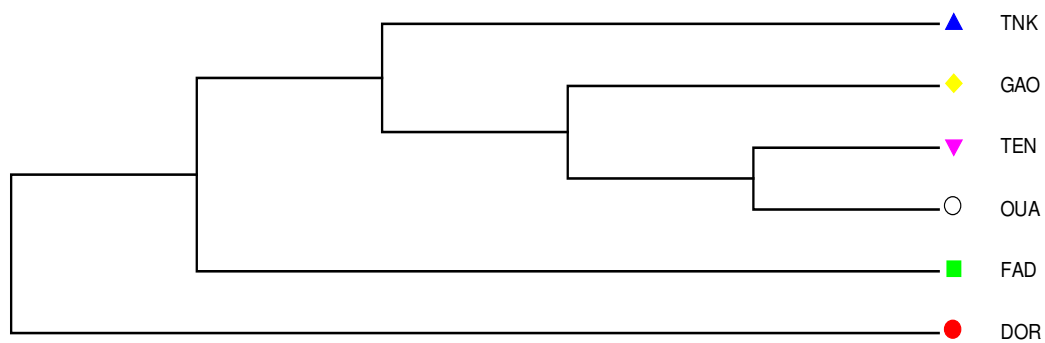
LOCI	Déficit d'hétérozygoties						Excès d'hétérozygoties					
	DOR	FAD	GAO	OUA	TEN	TNK	DOR	FAD	GAO	OUA	TEN	TNK
GF12	0,109	0,103	1,000	0,829	0,615	0,060	0,899	0,912	0,025	0,197	0,402	0,944
GF43	0,000	0,005	0,147	0,000	0,000	0,034	1,000	0,996	0,855	1,000	1,000	0,966
GF75	0,056	0,007	0,608	0,288	0,951	0,050	0,983	0,993	0,458	0,765	0,059	0,952
GUJ0084	0,224	0,328	-	-	1,000	0,593	0,944	0,821	-	-	0,984	0,729
GF5	0,163	0,087	0,939	0,623	0,409	0,949	0,860	0,935	0,099	0,488	0,600	0,072
GF74	0,471	0,141	0,173	0,003	0,528	0,016	0,530	0,861	0,836	0,997	0,471	0,984
GUJ0013	0,014	0,161	0,024	0,864	0,135	0,474	0,987	0,840	0,984	0,212	0,878	0,561
MCW0069	1,000	0,866	0,402	0,870	0,545	0,045	0,127	0,508	0,819	0,375	0,803	0,993
GF20	0,195	0,115	0,390	0,014	0,057	0,202	0,875	0,904	0,644	0,988	0,952	0,819
GF69	0,000	0,006	0,000	0,000	0,012	0,018	1,000	0,994	1,000	1,000	0,989	0,984
GUJ0001	-	0,000	0,056	0,324	0,397	0,036	-	1,000	0,995	0,774	0,737	0,964
GUJ0066	0,000	0,000	0,002	0,000	0,000	0,001	1,000	1,000	0,998	1,000	1,000	1,000
GF13	0,074	0,016	0,000	0,023	0,006	0,127	0,925	0,984	1,000	0,978	0,997	0,877
GF168	0,023	0,000	0,128	0,061	0,000	0,000	0,978	1,000	0,967	0,993	1,000	1,000
GUJ0059	0,041	0,134	0,068	0,000	0,009	0,104	0,960	0,869	0,935	1,000	0,992	0,900
GF151	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
GF30	0,727	0,116	0,992	0,305	0,746	0,161	0,277	0,937	0,041	0,900	0,560	0,911
GF37	0,354	0,179	0,730	0,019	0,136	0,971	0,825	0,852	0,345	0,982	0,878	0,189
GUJ0086	0,554	0,814	0,602	0,053	0,059	0,589	0,716	0,197	0,467	0,957	0,944	0,517

Dori (DOR), Fada (FAD), Gaoua (GAO), Ouagadougou (OUA), Tenado (TEN), et Tenkodogo (TNK).

3.4 Différenciation génétique et relations phylogéniques :

Les indices de fixation ont été calculés pour tous les loci. Les valeurs de F_{IS} varient de -0,958 (GF151) à 0,648 (GF168) et celles du F_{IT} de -0,958 (GF151) à 0,66 (GUJ0066) avec une P-value de 0,0001 ($P < 0,01$). La valeur moyenne de $F_{IS} = 0,167$ et celle du $F_{IT} = 0,225$. La valeur de F_{IS} indique un taux de consanguinité de 16,7 % et celle de F_{IT} indique un déficit global d'hétérozygotes de 22,5 %. Le F_{ST} par locus varie de 0,000 (GF151) à 0,175 (GUJ0084) ($P < 0,01$) 4 des 19 loci étudiés (soit 21 %) ont des valeurs de F_{ST} non significatives ($P > 0,05$) (Tableau 3). Le F_{ST} global est de 0,0692 (Tableau 3) indiquant que 6,92 % de la variation totale observée peuvent être attribuées aux différences entre populations échantillonnées. Le F_{ST} par paire de population a

varié entre 0,023 (Fada-Tenkodogo) et 0,119 (Dori-Tenado). Comparée aux autres populations, les paires de F_{ST} obtenues avec la population de Dori ont été les plus grandes et ont toutes été supérieures à 0,06 (Tableau 5). L'arbre phylogénétique construit à partir des proportions d'allèles partagés entre populations a révélé que les populations de Tenkodogo, de Gaoua, de Tenado, de Ouagadougou et celle de Fada se regroupent alors que la population de Dori semble être distincte (Figure 2a). Cependant, l'arbre dérivé des proportions d'allèles partagés entre individus a révélé un mélange des individus des six populations, bien qu'un sous ensemble des individus de Dori, Fada et Gaoua se sont regroupés distinctement (Figure 2b).



a

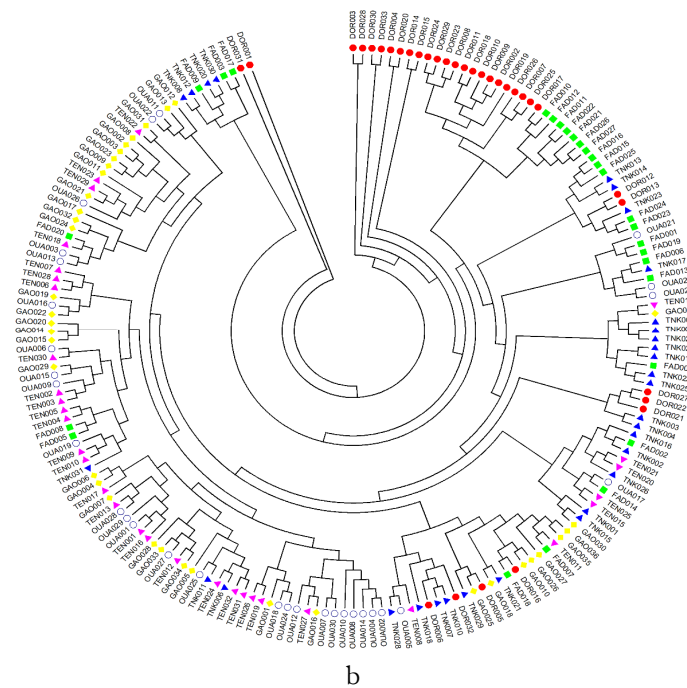


Figure 2 : Arbre phylogénique de Neighbor Joining sur la base des distances entre populations (a) et entre individus (b) dans les populations de pintade de Dori (DOR), Fada (FAD), Gaoua (GAO), Ouagadougou (OUA), Tenado (TEN), et Tenkodogo (TNK).

Tableau 5 : F_{ST} dans les 6 populations de pintade du Burkina Faso.

F_{ST}	DOR	FAD	GAO	OUA	TEN	TNK
DOR	-					
FAD	0.068814***	-				
GAO	0.117177***	0.073929***	-			
OUA	0.097346***	0.069852***	0.047512***	-		
TEN	0.119073***	0.076803***	0.045380***	0.025653***	-	
TNK	0.081696***	0.023498***	0.059045***	0.054811***	0.057612***	-

*** : hautement significatif au seuil de 5% Dori (DOR), Fada (FAD), Gaoua (GAO), Ouagadougou (OUA), Tenado (TEN), et Tenkodogo (TNK).

Tableau 6: Test d'assignation des pintades de Dori, Fada, Gaoua, Ouagadougou, Tenado, enkodogo.

Population	N	Paetkau et al. (1995)		Rannala and Mountain (1997)		Baudouin and Lebrun (2001)	
		Nombre assignation correcte	% assignation correcte	Nombre assignation correcte	% assignation correcte	Nombre assignation correcte	% assignation correcte
Dori	33	30	90,90	30	90,90	30	90,90
Fada	27	20	74,07	22	81,48	18	66,66
Gaoua	37	23	62,16	23	62,16	25	67,56
Ouaga	30	18	62,0	15	50	20	66,66
Tenado	32	24	75	23	71,87	24	75
Tenkodogo	31	24	77,42	24	77,42	23	74,19
Total	190	139	73,17	137	72,10	140	73,68



Tableau 7: Table test d'équilibre de la dérive de mutation chez les pintades de Dori, Fada, Gaoua, Ouaga, Tenado, Tenkodogo

Tests		DORI			FADA			GAOUA		
		IAM	TPM	SMM	IAM	TPM	SMM	IAM	TPM	SMM
Sign test	Expected no. of loci with H_e excess	10,12	10,55	10,77	10,48	10,99	11,27	10,18	10,18	10,80
	Observed no. of loci with H_e excess	18	13	10	16	16	12	15	14	9
	P-value	0,00010	0,18236	0,4671	0,00781	0,01450	0,46281	0,02007	0,08491	0,27041
Standardized differences test	T_2 -value	3,454	1,934	-0,434	3,605	2,003	-0,366	2,617	0,586	-2,587
	P-value	0,00028	0,02658	0,33223	0,00016	0,2257	0,35724	0,00444	0,27880	0,00484
Wilcoxon sign rank test	P-value (one tail for H_e excess)	0,00005	0,01617	0,58561	0,0002	0,02228	0,33971	0,02228	0,14675	0,60087

Tableau 7 (suite)

Tests		OUAGA			TENADO			TENKODOGO		
		IAM	TPM	SMM	IAM	TPM	SMM	IAM	TPM	SMM
Sign test	Expected no. of loci with H_e excess	10,07	10,38	10,56	10,33	10,79	10,96	10,08	10,62	10,84
	Observed no. of loci with H_e excess	15	14	8	16	15	13	18	17	13
	P-value	0,01434	0,06455	0,16191	0,00627	0,03832	0,23840	0,00009	0,00182	0,22134
Standardized differences test	T_2 -value	2,930	1,024	-2,084	3,229	1,424	-1,549	4,555	3,164	1,143
	P-value	0,00170	0,15293	0,01857	0,00062	0,07722	0,06069	0,00000	0,00078	0,12660
Wilcoxon sign rank test	P-value (one tail for H_e excess)	0,00117	0,09073	0,73869	0,00541	0,06159	0,28388	0,00000	0,00020	0,08440

3.5 Assignation des individus à leur population d'origine et test de la dérive génétique :

Trois tests ont permis d'assigner les individus aux différentes populations de pintades du Burkina Faso (Tableau 6). Le pourcentage d'assignation correcte des pintades de Dori (90,90 %) a été plus élevé que celui des pintades de Fada (66,66% à 81,48%), de Gaoua (62,16 à 67,56%), de Ouagadougou (50% à 66,66), de Tenado (71,87% à 75%) et de Tenkodogo (74,19% à 77,42%). Pour vérifier que les populations de pintade du Burkina Faso n'ont pas expérimenté de goulot d'étranglement génétique, elles ont été soumises à trois tests statistiques différents à savoir le « Sign test », le « Wilcoxon sign rank test » et le « standardized differences test » (Tableau 7). Pour chacun de ces tests, trois modèles différents d'évolution des microsatellites (modèle allèle infini (IAM), modèle de mutation pas à pas (SMM) et modèle à deux phases (TPM)) ont été utilisés. L'analyse du goulot d'étranglement

indique un excès en hétérozygotes sous les modèles IAM et TPM dans toutes les populations. Le modèle SMM présente un excès en hétérozygotes que dans les populations de Fada, de Tenado et celle de Tenkodogo avec un $p > 0.05$ (Tableau 7). Le « standardized differences test » a montré des valeurs de T_2 négatives dans toutes les populations sous le modèle SMM (excepté la population de Tenkodogo). Toutes les populations ont significativement dévié de l'équilibre mutation-dérive sous IAM pour le « Wilcoxon sign rank test » tandis qu'aucun écart significatif n'a été détecté sous SMM. Cependant, pour le même test et sous TPM, 3 des 6 populations (Dori, Fada et Tenkodogo) ont significativement déviés de l'équilibre mutation-dérive. (Tableau 7). Le « Mode Shift » qui est un descripteur qualitatif de la distribution des fréquences alléliques a révélé une distribution des fréquences alléliques en forme de L dans toutes les populations. (Figure 3).

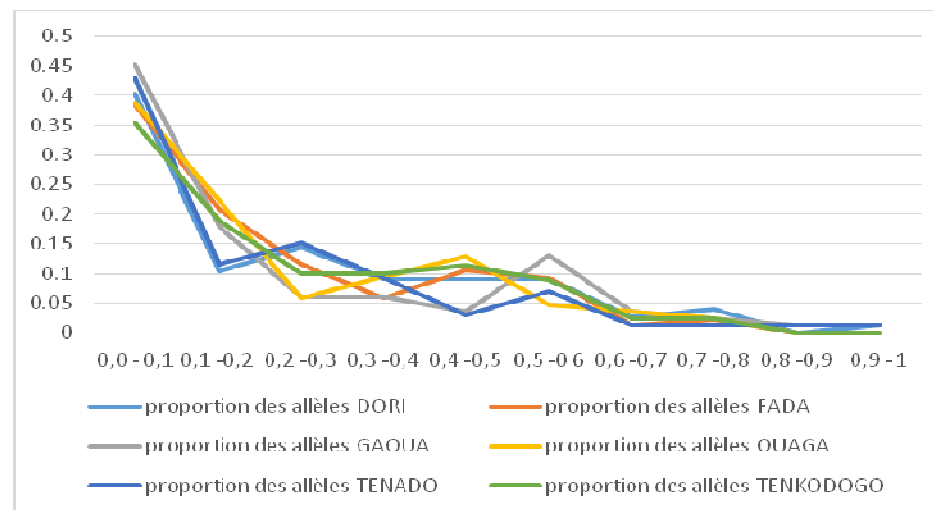


Figure 3 : Test qualitatif de réduction de la taille effective des populations (L-shaped distribution des fréquences alléliques de la courbe normale L) dans les populations de pintades.

4 DISCUSSION

4.1 Variabilité génétique : Un panel de 19 marqueurs microsatellites a été utilisé pour l'étude de variabilité et de la structure génétique de pintades provenant de six localités différentes du Burkina Faso. Tous les loci ont été polymorphes dans les différentes populations à l'exception du

locus GUJ0086 qui a présenté un seul allèle dans la population de Ouagadougou. Ce polymorphisme se caractérise par un nombre d'allèles par locus compris entre 3 (MCW0069 et GF151) et 16 (GF13). Les résultats obtenus par marqueur sont conformes aux recommandations

de Barker (1994) selon lesquelles un nombre d'au moins 4 allèles par locus est nécessaire afin de réduire les erreurs standards sur les estimations des distances. Par conséquent, 17 marqueurs microsatellites utilisés dans notre étude ont été des marqueurs convenables pour les analyses de la diversité génétique chez les populations de pintade locales du Burkina Faso ; seuls les microsatellites MCW0069 et GF151, avec 3 allèles, ne satisfont pas la recommandation. Dans leurs études sur le poulet Fotsa (2008) au Cameroun et Loukou *et al.* (2009) en Côte D'Ivoire ont mis en évidence des nombres d'allèles observés pour le marqueur MCW0069 respectivement de 8 et 9. Le marqueur GF151 développé par Botchway (2013) a relevé une même valeur (3) du nombre d'allèles observé que dans notre étude. Le nombre moyen d'allèle par locus a été de 7,16. Kayang *et al.* (2010) ont obtenu un nombre moyen d'allèle par locus de 9,8 dans les populations de pintade d'Afrique de Ouest. Cette valeur est supérieure à celle obtenue dans notre étude et pourrait s'expliquer par la composition de l'échantillon (Burkina Faso vs Bénin et Ghana) et par les différences entre les marqueurs utilisés (19 marqueurs au Burkina Faso et seulement 6 dans l'étude de Kayang *et al.*). Dans la population globale ainsi que dans chacune des six populations le taux d'hétérozygotie attendu (H_e) est supérieur au taux d'hétérozygotie observé (H_o). Des résultats similaires ont été obtenus par Kayang *et al.* (2002), qui a obtenu des valeurs moyennes de $H_o = 0,423$ et de $H_e = 0,527$. 68,42 % des loci ont dévié significativement de l'équilibre d'HWE en raison d'un déficit d'hétérozygotes. En outre, les valeurs de F_{IS} se sont révélées toutes supérieures à 0. Ces résultats traduisant un déficit en hétérozygote laissent suggérer que chez les pintades du Burkina Faso la reproduction est consanguine (Wright, 1951). Cependant ce déficit est léger ou accentué suivant les localités. Le déficit d'hétérozygotie observé pourrait être lié aussi à une sélection artificielle. Farrag *et al.* (2011) ont noté que deux populations de caïlles (ligné A et ligné B) ont déviées de l'HWE du fait de la sélection artificielle pour différents traits économiques (poids corporelle et l'augmentation

du nombre d'œuf). Le déficit d'hétérozygotie observé dans l'ensemble des populations de pintade pourrait être aussi lié à une reproduction consanguine en relation avec le mode d'élevage. En effet, dans la plupart des pays africains (Dahouda, 2003 ; Pousga, 2009 ; Kusina *et al.*, 2012 ; Traoré *et al.*, 2018), la pintade est principalement élevée dans un système traditionnel. Dans ce système, l'effectif du troupeau que possède chaque éleveur est faible (Traoré *et al.*, 2018). En plus du faible effectif, les animaux sont conservés dans le village ce qui pourrait conduire à une réduction des chances de reproduction entre des troupeaux non apparentés d'autres régions et qui augmentera également la possibilité de consanguinité au sein d'une même région. Dans cette étude, il a été constaté lors des enquêtes, qu'aucune sélection n'est effectuée par les éleveurs. Par conséquent, les reproductions consanguines liées au mode d'élevage pourraient mieux expliquer ce déficit d'hétérozygote. Le Contenu Informatif du Polymorphisme (PIC) varie de 0,259 (GUJ0084) à 0,818 (GUJ0059) avec une valeur moyenne de 0,55. Botstein *et al.* (1980) regroupe les valeurs du PIC en trois classes, les valeurs de $PIC > 0,5$ sont hautement informatifs ; les valeurs de PIC comprises entre 0,25 – 0,5 sont raisonnablement informatifs et ceux légèrement informatifs ont un $PIC < 0,25$. Tous les marqueurs utilisés ce sont révélés informatifs. La majorité des microsatellites utilisés dans cette étude, soit 63,16 %, s'est révélée hautement informative, tandis que 36,84 % de ces microsatellites ont été raisonnablement informatifs. Les résultats de cette étude sont différents de ceux obtenus par Kayang *et al.* (2002) ($PIC = 0,188$) et Botchway (2013) ($PIC = 0,369$) qui ont obtenus des valeurs moyennes de PIC inférieures à celles obtenues dans la présente étude lié au caractère peu informatif des marqueurs utilisés sur les populations étudiées. Un déficit d'hétérozygoties global (F_{IT}) hautement significatif ($p < 0,001$) de 22,5 % a été observé dans la population totale ; ce déficit est supérieur au 7,2 % obtenu dans les populations d'Afrique de l'Ouest (Kayang *et al.*, 2010). Le déficit en hétérozygotes s'observe également à l'intérieur des sous-populations ($F_{IS} = 0,167$). De façon

générale, on note une faible diversité au sein et entre les populations, ce qui laisse suggérer (i) une déviation de l'équilibre panmictique et (ii) une homogénéisation des sous populations. Cette observation est confortée par la valeur du F_{ST} global qui est de 0,069 et qui montre une différenciation génétique modérée entre les populations étudiées. En effet, il a été démontré que des valeurs de F_{ST} comprises entre 0,05 et 0,015 traduisent une différenciation génétique modérée (Bolloux et Lugon-Moulin, 2002). De ce fait, 6,92 % de la variation totale serait attribuée aux différences entre les populations. Comparativement aux résultats obtenus dans cette étude, une valeur de F_{ST} de 0,162 a été obtenue chez la pintade de la population d'Afrique de l'Ouest par Kayang *et al.* (2010). Par ailleurs, des valeurs de F_{ST} de 0,10 et de 0,084 ont été obtenues respectivement chez la caille (Farrag *et al.*, 2011) et chez la poule (Loukou *et al.*, 2009). Malgré la séparation géographique entre les populations (85-665 km), la différenciation génétique inter population est faible. Cette faible différenciation génétique entre populations pourrait s'expliquer par le mode de reproduction, le système d'élevage extensif des pintades locales, et aux déplacements des oiseaux avec leurs propriétaires d'une zone à l'autre (Traoré *et al.*, 2018). En outre, un grand chevauchement a été observé dans la distribution des proportions d'allèles partagés estimées au sein et entre les sous populations, ce qui indique que les individus de toutes les populations sont plus apparentés que les individus au sein des populations. La population de Dori semblait être relativement distincte des autres populations. Cela pourrait s'expliquer par le fait que Dori est le site le plus distant des autres sites.

Structuration génétique : Les résultats de l'analyse de goulot montrent un excès d'hétérozygotes significatif avec le modèle IAM

5 CONCLUSION

Cette étude a permis d'étudier la diversité et de comprendre la structuration génétique des populations de pintade de six localités du Burkina Faso. Elle a montré que ces populations présentent une différenciation génétique

chez toutes les populations ($P < 0.05$). Avec le modèle TPM, un excès d'hétérozygotie significatif est détecté uniquement dans les populations de Fada, Tenado et Tenkodogo ($P < 0,05$). Le modèle SMM présente un déficit en hétérozygotes que dans l'ensemble des populations avec un $P > 0.05$. Sous le test de Wilcoxon, seulement dans le modèle IAM toutes les populations ont significativement dévié de l'équilibre mutation dérive ($p < 0,05$), et aucun écart significatif n'a été détecté sous le modèle SMM, le test a été significatif dans le modèle TPM que dans 3 des 6 populations (Dori, Fada et Tenkodogo). Il est montré que, si un goulot d'étranglement a réellement eu lieu, on le détectera très fortement avec l'hypothèse IAM, moyennement avec le TPM et faiblement avec le SMM (Cornuet et Luikart, 1996), alors qu'en cas d'absence de goulot d'étranglement, (population structurée en petites sous-populations), on pourra détecter faussement une signature de goulot d'étranglement avec IAM, mais exceptionnellement, voire jamais, avec TPM et jamais avec SMM (De Garine-Wichatitsky *et al.*, 2009 ; De Meeüs *et al.*, 2010). Ces résultats traduisent l'absence de goulot génétique récent. De plus, le test de l'indicateur mode-shift indique que la répartition des fréquences alléliques suit la distribution normale en forme de " L ". Ceci montre que les allèles à faible fréquence sont les plus nombreux et sont, en effet, caractéristiques d'une population qui n'a pas subi de goulot d'étranglement. Le déficit d'hétérozygotie observé dans les populations locales est le résultat d'une consanguinité à l'échelle de leurs environnements de reproduction. Les populations de pintade n'ont pas subi une forte réduction de leur effectif, qui aurait un impact non seulement sur le nombre d'allèle mais aussi sur la diversité génétique.

modérée. Les conditions actuelles d'élevage traditionnel basées sur la divagation semblent ne pas permettre l'isolement des populations qui sont consanguines tant sur les plans inter populationnel qu'intra populationnel. Les fortes



valeurs d'hétérozygoties, d'allèles observés indiquent la forte diversité génétique des populations de pintades locales du Burkina Faso. Cela permet d'affirmer qu'il est possible de mener des actions d'amélioration génétique. Ces actions futures doivent tenir compte des valeurs

socioculturelles des éleveurs de la volaille traditionnelle afin de garantir une gestion durable des ressources avicoles locales. Toutefois cette étude mériterait d'être étendue à plus de régions afin de mieux apprécier la diversité des pintades du Burkina Faso.

6 RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Barker J.S.F. 1994. A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production; August 7–12; Ontario: University of Guelph. Pp. 501-508.
- Baudouin, L. and Lebrun, P. 2001 An operational Bayesian approach for the identification of sexually reproduced cross-fertilized populations using molecular markers, *Acta Hort.*, 546, 81–93.
- Bolloux F. and Lougon-Moulin N. 2002. The estimation of population differentiation with microsatellite markers. *Mol. ecol.*, 11:155-165
- Botchway, P. K. 2013. Development and characterization of microsatellite markers for helmeted guinea fowl (*Numida meleagris*) in Ghana. PhD University of Ghana. 121 pp.
- Botstein D., White R.L., Skolnick M. and Davis R.W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* 32: 314–331.
- Cornuet J. M. and Luikart G. 1996. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics*, 144: 2001-2014.
- Dahouda M. 2003. Élevage de la pintade locale dans le Département du Borgou au Bénin: comparaison des caractéristiques de production en station et en milieu rural. Mémoire de DEA. Faculté de Médecine Vétérinaire de Liège. Belgique. 35 p.
- De Garine-Wichatitsky M., DE Meeüs T., Chevillon C., Berthier D., Barré N., Thévenon S., Maillard J. C., 2009 – Population genetic structure of wild and farmed rusa deer (*Cervus timorensis russa*) in New-Caledonia inferred from polymorphic microsatellite loci. *Genetica*, 137: 313-323.
- De Meeüs T., Koffi B. B., Barré N., De Garine-Wichatitsky M., Chevillon C., 2010 – Swift sympatric adaptation of a species of cattle tick to a new deer host in New-Caledonia. *Infect. Genet. Evol.*, 10 : 976-983.
- Dieringer, D. and Schlotterer, C. 2003. MICROSATELLITE ANALYZER (MSA): a platform independent analysis tool for large microsatellite data sets, *Mol. Ecol. Notes*, 3, 167–169.
- Farrag, S. A., Tanatarov, A. B., Soltan, M. E., Ismail, M. and Zayed, O. M. 2011. Microsatellite of kazakstan quails.pdf. *Journal of Animal and Veterinary Advances*. 10(18): 237.
- Felsenstein, J. 1993. PHYLIP: Phylogeny inference package, version 3.5. Department of Genetics, Washington University, Seattle, Washington.
- Fotsa J.C. 2008. Caractérisation des performances de poules locales en station expérimentale. In : Fotsa J.C., Caractérisation des populations de poules locales (*Gallus gallus*) au Cameroun. Thèse de doctorat, Université de Dschang, Cameroun. 301 p.
- Kayang B.B., Youssao I., Inoue E., Naazie A., Abe H., Ito S., Inoue-Murayama M., 2010. Genetic Diversity of Helmeted Guinea fowl (*Numida meleagris*) Based on Microsatellite Analysis. *Journal of Poultry Science* 47, 120–124.



- Kayang, B.B., Inoue-Murayama, M., Hoshi, T., Matsuo, K., Takahashi, H., Minezawa, M., Mizutani, M. and Ito, S. 2002. Microsatellite loci in Japanese quail and cross-species amplification in Chicken and Guinea fowl. *Genetics Selection Evolution* 34: 233-259.
- Kusina N.T., Saina H., Kisina J.F., Lebel S., 2012. An insight into guinea fowl rearing practices and productivity by guinea fowl keepers in Zimbabwe. *African Journal of Agricultural Research* 7, 3621- 3625.
- Loukou N. E., C. V. Yapi-Gnaoré, G. Touré, Y. Coulibaly, X. Rognon, B. Kayang, I. Youssao, M. Tixier-Boichard et A. S. P. N'guetta. 2009. Évaluation de la diversité des poulets traditionnels de deux zones agroécologiques de Côte d'Ivoire à l'aide de marqueurs microsatellites. *J. Anim.Plant Sci.* 5(1) : 425 - 436.
- Ministère des Ressources Animales (MRA) (2011). Statistiques du secteur de l'élevage. Direction générale de la prevision des statistiques et de m'économie de l'élevage. Ouagadougou. Burkina Faso. 151 p.
- Nahashon S.N, Amenyenu A., Harris C. and Adefope N. 2008. Chicken and quail microsatellite markers reveal polymorphisms in guinea fowl. *Journal of Poultry Science*, 45:249.
- Paetkau D., Calvert W., Sterling I., and Strobeck C., 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears, *Mol. Ecol.*, 4, 347–354.
- Piry, S., Alapetite, A., Cornuet, J. M., Paetkau, D., Baudouin, L., and Estoup, A. 2004. GeneClass2: A Software for Genetic Assignment and First-Generation Migrant Detection, *J. Hered.*, 95, 536–539.
- Piry, S., Luikart, G., and Cornuet, J. M.: BOTTLENECK, 1999. A computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele frequency data, *J. Hered.*, 90, 502–503.
- Pousga, B. 2009. Synthèse des travaux de recherche en aviculture au Burkina Faso: Rapport de recherche No 4. *Réseau International pour le Développement de l'Aviculture Familiale*.18 (1/2): 28-35. production, 9-13 october 1990, Thessaloniki, Greece, 2, 39–41.
- Primmer, C.R., Raudsepp, T., Chowdhary, B.P., Møller, A.P. and Ellegren, H. 1997. Low frequency of microsatellites in the avian genome. *Genome Research* 7:471–482.
- Rannala, B. and Mountain, J. L., 1997. Detecting immigration by using multilocus genotypes, *P. Natl. Acad. Sci. USA*, 94, 9197–9201.
- Raymond M. and Rousset F. 1995. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism, *J. Hered.*, 86, 248–249.
- Richardson D.S., Jury F.L., Dawson D.A., Salgueiro P., Komdeur J., Burke T. 2000. Fifty Seychelles warbler (*Acrocephalus sechellensis*) microsatellite loci polymorphic in Sylviidae species and their cross-species amplification in other passerine birds, *Mol. Ecol.* 9. 2226–2231.
- Sayila, A. 2009. Guinea fowl farming becomes popular in Botswana. *World Poultry* 25, 30 31
- Tamura, K., Dudley J., Nei M., and Kumar, S. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 4.0, *Mol. Biol. Evol.*, 24, 1596–1599.
- Traoré F.G., Traoré A., Bayala B., Dayo G.K., Tapsoba A.S., Soudré A., Sanou M., Tindano K., Tamboura HH., 2018. Characterization and typology of Guinea fowl (*Numida meleagris*) farming Systems in Burkina Faso. *Int. J. Adv. Res.* 6, 6-21
- Weimann, C., Eltayeb N.M, Brandt H., Yousif I.A.-S, Abdel Hamid M.M., Erhardt G., 2016. Genetic diversity of domesticated and wild Sudanese Guinea Fowl (*Numida melangris*) based on microsatellite markers. *Archives of Animal Breeding* 59, 59–64.
- Wright S., 1951. The genetical structure of populations, *Ann. Eugenetic.* 15, 323–354.