

hétérozygotie attendue (H_e) ont été évalués. Le déficit en hétérozygotes, l'excès relatif en hétérozygotes et l'indice de fixation ont été estimés. Le déséquilibre de liaison entre les paires de loci a été vérifié et la valeur de p a été corrigée par la méthode de Bonferroni. La détection des allèles nuls a été effectuée à l'aide du logiciel MicroChecker. Le logiciel STRUCTURE (Falush *et al.*, 2003) a été utilisé pour évaluer la structuration génétique des différentes populations. Dans la présente étude, le nombre possible d'allèles a varié de 2 à 8.

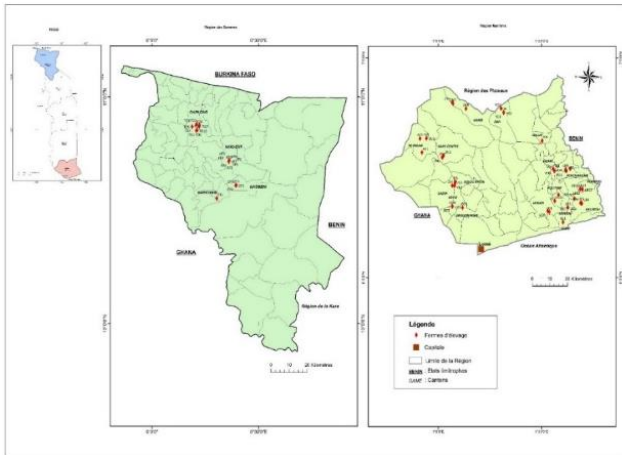


Figure 1 - Zone d'étude

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Le nombre moyen d'allèles (N_a) était de $9,5 \pm 1,0$ dont le plus faible au locus So 227 (3 allèles) et le plus élevé (25 allèles) au locus So 005. Un seul locus (So 355) présentait des allèles nuls. Les loci étaient tous polymorphes sur la population totale. La fréquence allélique la plus élevée est affichée sur le locus So 005 et principalement dans la population de la préfecture de Vo.

La richesse allélique a varié de 1 à 2 au sein des élevages. Bataillon *et al.* (1996) ont montré que les mesures de la diversité génétique fondées sur la richesse allélique se sont avérées efficaces et sont considérées comme importantes pour maximiser le nombre d'allèles conservés. La richesse allélique est pertinente dans une perspective à long terme, car les limites de sélection sont déterminées par la composition d'allèle initiale plutôt que par l'hétérozygotie (Petit *et al.*, 1998). Les populations porcines des Lacs et de Yoto sont les plus proches au niveau de la région maritime ($DA=0,067$). Ceci pourrait s'expliquer par les échanges d'animaux au sein de ces deux préfectures à cause, d'une part, de la promiscuité et, d'autre part, des liens de parenté qui existent entre les éleveurs des deux zones. Au sein de la région des Savanes, les populations porcines de Tone sont proches de celles de Kpendjal

($DA=0,034$). La distance la plus grande a été observée entre les animaux de la préfecture du Golfe et ceux de Tone ($DA=0,170$) car les échanges d'animaux entre ces deux zones, bien éloignées, semblent irréalisables : les peuples et les cultures sont différents.

Selon l'approche bayésienne de regroupement *a posteriori*, les populations des préfectures de Avé, Golfe, Vo et Zio_nord au sein de la région Maritime sont plus hétérogènes. Par contre, dans la région des Savanes, les populations porcines des préfectures de Kpendjal et de Tone semblent plus homogènes. L'hétérozygotie attendue $0,48 \leq H_e \leq 0,64$ et l'hétérozygotie observée $0,41 \leq H_o \leq 0,54$ sont inclus dans l'intervalle obtenu par San Cristobal *et al.* (2006), soit entre 0,43 et 0,68. Ceci signifierait que le taux de croisements consanguins au sein des populations étudiées a été important. Les indices de fixation des populations de porc local (0,04 à 0,21) confirment une variabilité effective au sein des populations locales de porcs : la couleur de la robe est variable avec la présence plus remarquée du noir. De même, le format typique est de petite taille, mais les croisements réalisés dans un but d'amélioration ont abouti à des tailles intermédiaires. La différence de taille et de couleur de robe observée entre les animaux de la région Maritime comparativement à ceux des Savanes est confirmée par la diversité dans la constitution moléculaire. Au plan morphologique, les individus retrouvés au sein de la population de Vo présentent majoritairement les traits caractéristiques relatifs à la race locale de couleur de robe noire et de petite taille. En effet, la préfecture de Vo a été longtemps considérée comme étant le berceau du porc local noir du Togo, grâce aux principales caractéristiques (petite taille, robe noire) qui sont retrouvées au sein des élevages. Ces observations pourraient être liées i) aux échanges limités de reproducteurs entre les deux régions ; ii) aux différences agroécologiques des deux régions ; iii) aux différences des modes de conduite de l'élevage dans les deux régions. Selon De Meeüs (2012) ces facteurs sont des facteurs clés dans l'évolution de la structure génétique des populations.

CONCLUSION

Au Togo, l'analyse moléculaire des porcs de races locales a montré une différence réelle entre les populations de la Région Maritime et celles de la Région des Savanes. Il est observé des relations de proximité entre les populations de porcs de la région Maritime d'une part et entre celles de la région des Savanes d'autre part avec des interpénétrations. Ceci est la cause de la forte diversité intra et inter-populations de porcs rencontrées sur le territoire. Les résultats de cette étude constituent une base pour des travaux plus approfondis pour la valorisation durable de ces populations et pour contribuer à l'évaluation de la différenciation de ces populations.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Bataillon T.M., David J.L., Schoen D.J., 1996. Neutral Genetic Markers and Conservation Genetics: Simulated Germplasm Collections. *Genetics*, 144, 409-417.
- De Meeüs T., 2011. Initiation à la génétique des populations naturelles. Application aux parasites et à leurs vecteurs. IRD Editions. Collection Didactiques. 338 p.
- Falush D., Stephens M., Pritchard J.K., 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 164, 1567-1587.
- Petit R J, Mousadik A E, Pons O. 1998. Identifying populations for conservation on the basis of genetic marker. *Conserv. biol.*, 12, 844-855.
- SanCristobal M, Chevalet C, Haley C S, Joosten R, Rattink A P, B. Harlizius, M. A. M. Groenen et al., 2006. An important prerequisite for a conservation programme is a comprehensive description of genetic diversity *Animal Genetics*, 37, 189-198.