

J.J. Lauvergne<sup>1</sup>P. Souvenir  
Zafindrajaona<sup>1</sup>F. Minvielle<sup>1</sup>D. Bourzat<sup>2</sup>V. Zeuh<sup>3</sup>

## Un gène de réduction de la longueur des cornes de la chèvre au Nord Cameroun et au Tchad

LAUVERGNE (J.J.), SOUVENIR ZAFINDRAJAONA (P.), MINVIELLE (F.), BOURZAT (D.), ZEUH (V.). Un gène de réduction de la longueur des cornes de la chèvre au Nord Cameroun et au Tchad. *Revue Elev. Méd. vét. Pays trop.*, 1993, 46 (4) : 645-650

Les histogrammes des longueurs des cornes de deux populations de chèvres femelles adultes (39 au Nord Cameroun et 51 au Tchad) présentant un aspect plurimodal ont été soumis à une analyse qui a permis d'isoler 3 sous-populations de moyenne respectivement  $m_1 = 16,00 \pm 0,80$  cm,  $m_2 = 10,70 \pm 1,70$  cm et  $m_3 = 4,60 \pm 0,80$  cm pour le Nord Cameroun, et  $m_1 = 21,60 \pm 2,60$  cm,  $m_2 = 14,80 \pm 1,80$  cm et  $m_3 = 6,00 \pm 0,00$  cm pour le Tchad. Les deux populations semblent porter le même mutant de réduction de la longueur des cornes, provisoirement considéré comme autosomal à dominance intermédiaire et à pénétrance totale ou sub-totale. L'effet moyen de substitution de l'allèle muté par l'allèle sauvage est de  $5,80 \pm 0,45$  cm au Nord Cameroun et de  $7,18 \pm 0,70$  cm au Tchad, avec un rapport de réduction de 0,73, très proche de celui qui affecte la hauteur au garrot quand on passe du Tchad au Nord Cameroun (0,75). Le gène muté a été appelé *HR<sup>r</sup>* (*reduced*) au locus *HR* (*Horn Reduction*), l'allèle sauvage *wild* ayant pour symbole *HR<sup>s</sup>*. La fréquence *q* du gène muté a été estimée par le maximum de vraisemblance, en même temps que le coefficient de sélection *s* de l'hétérozygote, dans l'hypothèse où les coefficients qui affectent les homozygotes sont nuls. Par itération on obtient  $q = 0,44$  et  $s = 2,40$ . La supériorité des hétérozygotes sur les 2 homozygotes est donc très forte et on est en présence d'une situation d'équilibre stable où *q* prend une valeur proche de la valeur 0,50 attendue si les deux coefficients de sélection des homozygotes sont égaux.

Mots clés : Caprin - Mensuration corporelle - Corne - Gène - Cameroun - Tchad.

### INTRODUCTION

Le Projet régional de Recherches sur les Petits ruminants (PRRPR) au Niger, Tchad et Cameroun qui est mis en œuvre depuis 1991 par le CIRAD-EMVT au Laboratoire de Recherches vétérinaires et zootechniques (LRVZ) de Farcha (Tchad) comporte un volet "ressources génétiques caprines". Ce volet a donné lieu à une enquête de terrain au Nord Cameroun et au Tchad en juin 1992. Lors du dépouillement des données on s'est aperçu que deux problèmes devaient préalablement être résolus :

1. Département de génétique animale de l'INRA, Laboratoire de génétique factorielle, Bât 211, CRJ/INRA, 78352 Jouy-en-Josas Cedex, France.

2. CIRAD-EMVT, Laboratoire de recherche vétérinaire et zootechnique (LRVZ) de Farcha, BP 433, N'Djamena, Tchad.

3. Laboratoire de recherche vétérinaire et zootechnique (LRVZ) de Farcha, BP 433, N'Djamena, Tchad.

Reçu le 9.4.1993, accepté le 14.9.1993.

- la probable ségrégation d'un gène de réduction de la longueur des cornes ;
- la définition du type de cornage.

On va s'efforcer dans la présente note d'élucider la première question.

### Revue sur le déterminisme héréditaire de la longueur des cornes chez la chèvre

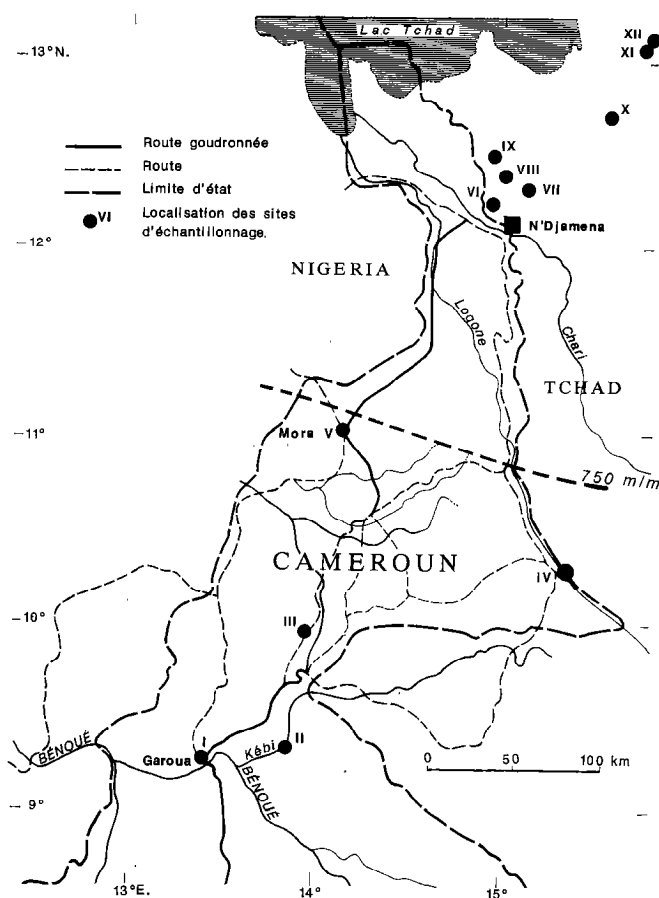
Chez la chèvre la croissance des cornes en longueur et en durée n'a été qu'assez rarement étudiée. On sait seulement que les animaux ayant atteint l'âge de 4 ans semblent avoir pratiquement achevé leur croissance, aussi bien pour le corps que pour les cornes (12). On sait en outre que la croissance peut être totalement inhibée par l'action d'un facteur mendélien (11). Ce gène *Ho<sup>p</sup>* (*polled*) est situé au locus *Horns* (*Ho*), selon la terminologie du Comité de nomenclature génétique des Ovins et Caprins (6). Il est autosomal dominant et a un effet pléiotropique sur le déterminisme du sexe, induisant diverses anomalies, la plus frappante étant la masculinisation des organes sexuels des femelles homozygotes. Son action a été caractérisée par une série de coefficients d'expressivité et de pénétrance selon le sexe et le génotype (5).

### MATÉRIEL ET MÉTHODES

#### Données disponibles

Les données de cette étude proviennent d'une enquête de terrain effectué en juin 1992 dans le cadre du projet précédemment cité (PRRPR). Deux zones situées entre 9° et 13° de latitude nord, dont les centres de gravité étaient distants d'environ 300 km, ont été inventoriées au Nord Cameroun (zone 1) et au Tchad (zone 2) : 12 sites et un total de 20 troupeaux (carte 1). Lors de cette enquête 215 animaux ont été examinés avec une grille d'enquête de 32 observations ou mensurations dont 4 se rapportaient au cornage :

- longueur de la corne (LC) ;
- distance pointe/pointe (PP) ;
- distance pointe/base (PB) ;
- distance base/base (BB).



Carte 1 : Sites d'échantillonnage.

Pour la présente étude, seule la longueur des cornes des femelles adultes a été analysée. La détermination de l'âge a été faite par examen de la dentition selon la méthode proposée par QUITTET (9). Étaient considérés comme adultes les animaux âgés de plus de 4 ans. De cette manière 90 femelles adultes ont été retenues (39 au Nord Cameroun et 51 au Tchad).

## Méthodes d'analyse

### Formulation d'une hypothèse bi-allélique

Les histogrammes de la longueur des cornes aussi bien au Nord Cameroun qu'au Tchad présentaient trois pics (fig. 1 a et b), ce qui a conduit les auteurs à formuler l'hypothèse d'un mutant dominant capable de réduire la longueur des cornes avec une expressivité intermédiaire chez l'hétérozygote. On peut légitimement penser que les animaux à grandes cornes portent l'allèle normal  $HR^+$  (wild),  $HR^-$  (reduced) étant l'allèle muté à un locus que, selon les normes préconisées par ANDRESEN et al., (1), on propose d'appeler *Horn Reduction* (HR).

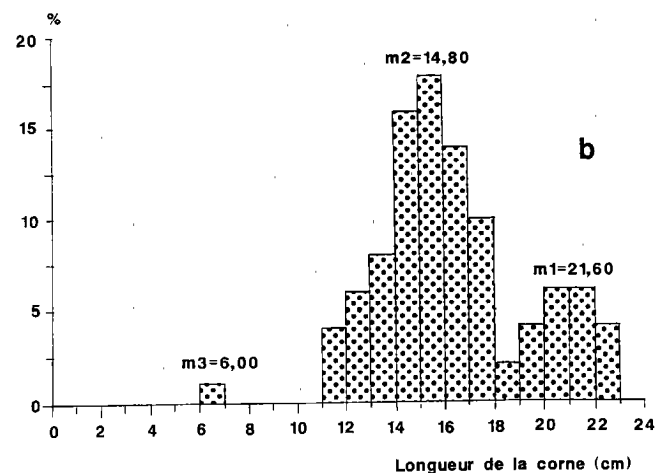
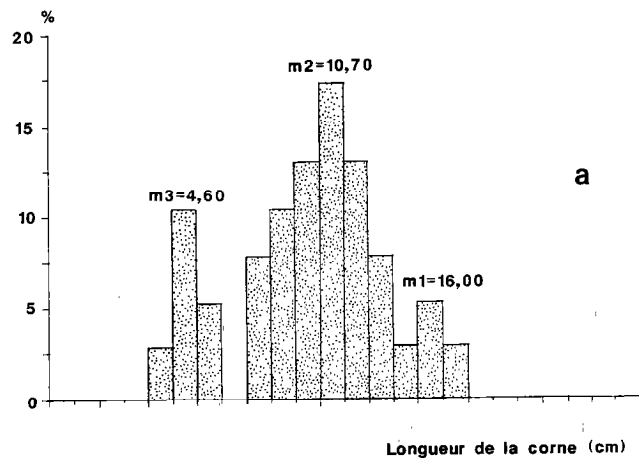


Figure 1 : Histogrammes de la longueur des cornes. a) Nord-Cameroun ; b) Tchad.

### Isolement des sous-populations et mesure de leurs caractéristiques

L'analyse a consisté tout d'abord à isoler les trois sous-populations des histogrammes de la figure 1 à partir d'un sous-programme extrait de la bibliothèque des logiciels SAS (Statistical Analysis System) qui permet d'identifier des sous-populations et d'estimer leurs moyennes et écarts-types. Le travail a été effectué sur un terminal connecté avec le CTIG (Centre de traitement de l'information génétique) du Département de Génétique animale de l'INRA.

### Facteur de réduction générale de la croissance

Les deux populations du Nord Cameroun et du Tchad différaient non seulement par la longueur moyenne des cornes (12,20 cm en moyenne générale au Nord Cameroun pour 16,05 cm au Tchad) mais aussi par des caractéristiques biométriques telles que la hauteur au garrot

(50,20 cm en moyenne générale au Nord Cameroun pour 66,50 cm au Tchad) ou la longueur de l'oreille (de 12 cm de moyenne au Nord Cameroun pour 20 cm au Tchad). Cela laisse à penser que ces deux populations diffèrent par un facteur général de croissance agissant en particulier sur la longueur des os et des cornes.

C'est ainsi que l'on a procédé à une analyse de variance du logarithme de la longueur des cornes à deux sources de variations : zone (Nord Cameroun et Tchad) et génotype (les 2 homozygotes et l'hétérozygote). Il s'agissait d'évaluer l'effet relatif de ce facteur d'allométrie, au Nord Cameroun par rapport au Tchad, par un calcul de contraste entre les deux zones. Le facteur de réduction est alors simplement l'exponentielle de la valeur obtenue par le contraste (si ce dernier est significatif).

### Effet moyen de substitution d'un gène au locus *HR*

Si le rapport de réduction est différent de 1 on pourra alors évaluer l'effet moyen de substitution indépendamment dans chaque zone. On testera ensuite l'hypothèse la plus simple, celle où la longueur moyenne des cornes des hétérozygotes est médiane par rapport à celle des 2 homozygotes. Cette hypothèse est formulée par l'équation du premier degré où la longueur moyenne des cornes ( $y$ ) est fonction de nombre d'allèles  $HR^*$  ( $x = 0, 1, 2$ ), où  $a$  est la pente de la droite de régression linéaire qui est égal à l'effet moyen de substitution et  $b$  la longueur moyenne des cornes de l'homozygote muté :

$$y = ax + b \quad (1)$$

Le coefficient de détermination  $R^2$  qui permet de vérifier les conditions de linéarité prescrites par TOMASSONE *et al.*, (13), est obtenu par une analyse de variance de la longueur des cornes à une source de variation ( $x =$  nombre d'allèles  $HR^*$ ) ainsi que les estimées des paramètres de la droite de régression.

### Estimation de la fréquence génique et conditions d'équilibre

Il faut en premier lieu vérifier si l'équilibre de la fréquence génique selon la loi de Hardy-Weinberg est réalisé (8). Si ce n'est pas le cas dans la population d'adultes observée ici - qui est caractérisée par un système d'élevage que l'on peut considérer comme panmictique -, une explication simple sera celle de la "sélection zygotique, gènes autosomaux" (7).

L'estimation simultanée de cette fréquence et de ces coefficients se fait en écrivant la vraisemblance de l'échantillon observé et en annulant les dérivées par rapport aux variables à estimer, ce qui conduit à un système de  $n$  équations à  $n$  inconnues (3, 4).

Si on appelle  $\sigma_1$ ,  $\sigma_2$  et  $\sigma_3$  les valeurs sélectives affectant chaque génotype (respectivement  $HR^*HR^*$ ,  $HR^*HR^r$  et  $HR^rHR^r$ ), elles sont égales à respectivement  $1+s_1$ ,  $1+s_2$

et  $1+s_3$ ,  $s_1$ ,  $s_2$  et  $s_3$  étant les coefficients de sélection à évaluer.

Dans le cas présent, il y avait un excès marqué d'hétérozygotes et les fréquences des homozygotes étaient assez proches (tabl. I) ce qui permet de penser a priori que la fréquence génique a atteint un équilibre stable (7).

Comme les effectifs sont faibles, on a supposé que le coefficient de sélection était le même pour les deux homozygotes :  $s_1 = s_3 = 0$  pour les deux zones. Cela conduit à ne considérer que le coefficient de sélection des hétérozygotes et à poser  $s_2 = s$ . L'équation de vraisemblance s'écrit alors comme suit :

$$L = cp_1^{n_1} \cdot p_2^{n_2} \cdot p_3^{n_3}$$

avec :

$$p_1 = q^2/[1 + 2q(1 - q)s]$$

$$p_2 = 2q(1 - q)(1 + s)/[1 + 2q(1 - q)s]$$

$$p_3 = (1 - q)^2/[1 + 2q(1 - q)s]$$

$L$  étant la longueur des cornes,  $c$  une constante et  $n_1$ ,  $n_2$  et  $n_3$  les effectifs des génotypes, avec  $n_1 + n_2 + n_3 = N$

On a alors :  $\ln L = \ln c + n_1 \ln p_1 + n_2 \ln p_2 + n_3 \ln p_3$

On obtient la vraisemblance maximum en annulant les dérivées de  $\ln L$  selon  $s$  et selon  $q$  :

$$\delta \ln L / \delta s = n_2 / (1 + s) - 2Nq(1 - s) / [1 + 2q(1 - q)s] = 0 \quad (2)$$

$$\delta \ln L / \delta q = (2n_1 + n_2) / q - (n_2 + 2n_3) / (1 - q) -$$

$$2Ns(1 - 2q) / [1 + 2q(1 - q)s] = 0 \quad (3)$$

Ce système de deux équations non linéaires à 2 inconnues peut alors être résolu en utilisant un sous-programme FORTRAN qui procède de la méthode de calcul itératif de Newton développée par HAGER (2).

TABLEAU I Moyennes et écarts-types des trois sous-populations de longueur des cornes et rapport de réduction Nord Cameroun/Tchad.

Sous-population de longueur des cornes	Nord Cameroun	Tchad	Rapport de réduction
	$m_i \pm 2\sigma$ (cm) <sup>1</sup>	$m_i \pm 2\sigma$ (cm) <sup>1</sup>	
Sous-population 1 (normale)	16,00 ± 0,80	21,60 ± 2,60	0,73
Sous-population 2 (réduite)	10,70 ± 1,70	14,80 ± 1,80	
Sous-population 3 (courte)	4,60 ± 0,80	6,00 ± 0,00	

<sup>1</sup>  $i = 1$  (cornes normales), 2 (cornes réduites) ou 3 (cornes courtes).

## RÉSULTATS

Les 3 sous-populations de longueur des cornes isolées dans les histogrammes de la figure 1 montrent très peu de recouvrement. Les moyennes et les écarts-types sont donnés dans le tableau I.

Le logarithme du contraste entre les effets des deux zones étant significatif à  $P < 0,0001$ , on peut prendre en considération un rapport de réduction entre le Nord Cameroun et le Tchad de 0,73 ( $e^{-0,32}$ ) (tabl. I).

L'estimée du coefficient de détermination  $R^2$  (0,80 pour le Nord Cameroun et 0,70 pour le Tchad) est très élevée, ce qui justifie l'hypothèse d'un effet de substitution linéaire.

L'estimée de la pente de la droite de régression - qui a valeur d'effet moyen de substitution d'un allèle  $HR^+$  par un allèle  $HR^-$  sur la longueur des cornes - est de  $a_1 = 5,80 \pm 0,45$  cm pour le Nord Cameroun et  $a_2 = 7,18 \pm 0,70$  cm pour le Tchad et l'équation (1) s'écrit alors :

$$y_1 = 5,80x + 4,78 \text{ pour le Nord Cameroun}$$

$$y_2 = 7,18x + 7,58 \text{ pour le Tchad}$$

Ces droites sont représentées dans la figure 2. Le test de la loi de Hardy-Weinberg est donné dans le tableau II.

Les résultats du  $\chi^2$  du tableau II indiquant que la loi de Hardy-Weinberg n'est pas vérifiée, l'excès d'hétérozygotes étant très significatif, on a procédé aux estimations de  $s$  et  $q$  selon les équations (2) et (3), ce qui donne :

$$s = 2,40 \text{ et } q = 0,44$$

## DISCUSSION

### Mise en évidence de la ségrégation

La configuration des histogrammes de la figure 1 et les résultats du tableau I corroborent parfaitement l'hypothèse d'un mutant agissant sur la longueur des cornes. Sa dominance serait intermédiaire, réduisant cette longueur déjà chez l'hétérozygote.

Il s'agit évidemment du même mutant au Nord Cameroun et au Tchad. Ce mutant agit indépendamment du ou des facteurs qui affectent la croissance aussi bien des cornes que de membres des chèvres du Nord Cameroun comparées à celles du Tchad, dans un rapport de réduction de 0,73.

Même en l'absence de données concernant les mâles et de données de ségrégation on peut, au moins provisoirement, admettre l'existence d'un mutant à dominance intermédiaire et à pénétrance totale (*reduced: r*) au locus autosomal *Horn Reduction* (symbole  $HR$ ), comme proposé précédemment.

### Indépendance d'avec le locus $Ho$

L'hypothèse selon laquelle la ségrégation observée dans les histogrammes de la figure 1 serait due au gène  $Ho^p$

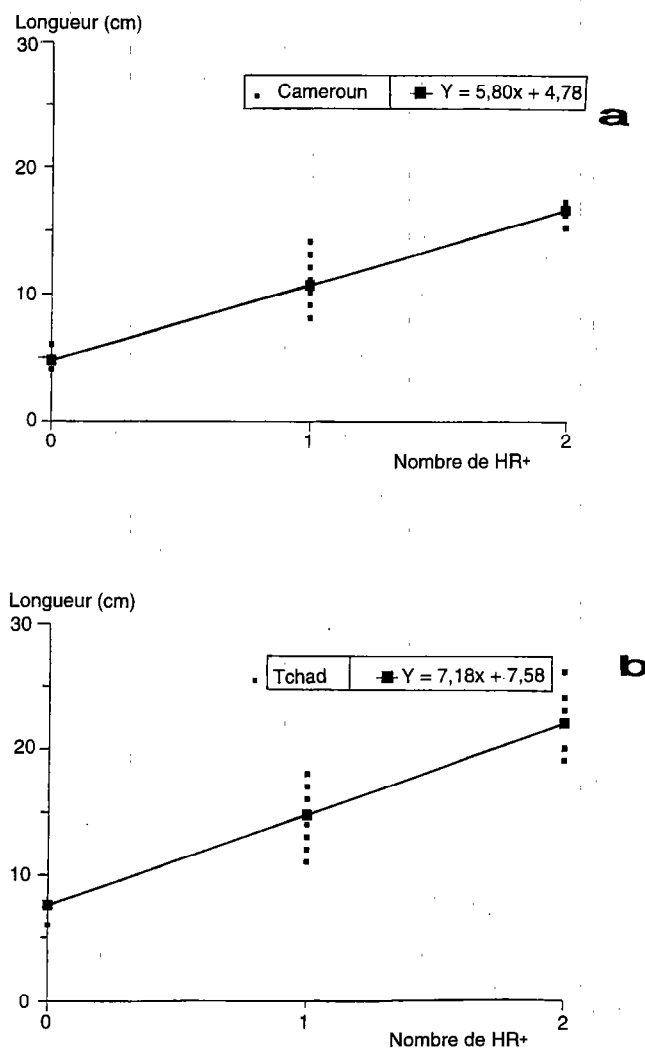


Figure 2 : Effet moyen de substitution de l'allèle  $HR^+$  par  $HR^-$ . a) Nord-Cameroun ; b) Tchad.

précédemment évoqué peut être écartée ; il faut en effet noter que :

- le gène  $Ho^p$  n'a pas d'action à l'état hétérozygote sur la longueur de la corne (5), ce qui est en contradiction avec l'existence des 3 pics des histogrammes de la figure 1 ;
- dans tous les cas de réduction que nous observons, même les plus extrêmes, l'appendice continue à être présent alors que RICORDEAU a montré son absence chez les homozygotes  $Ho^p/Ho^p$  (10) ;
- dans les 2 zones, on n'a jamais observé les anomalies de développement des organes sexuels qui accompagnent le gène  $Ho^p$  (5).

TABLEAU II Test de conformité à la loi de Hardy-Weinberg.

Zone	Génotypes			$\chi^2$
	HR <sup>+</sup> HR <sup>+</sup>	HR <sup>+</sup> HR <sup>-</sup>	HR <sup>-</sup> HR <sup>-</sup>	
Tchad	1 (12,75)	41 (25)	9 (12,75)	21,30 HS
Nord Cameroun	7 (9,75)	28 (19,50)	4 (9,75)	7,88**
Tchad + Nord Cameroun	8 (22,20)	69 (45)	13 (22,50)	26,15 HS

Entre parenthèses, les effectifs théoriques.

HS : Hautement significatif à  $P < 0,0001$  ; \*\* : Significatif à  $P < 0,01$ .

### Effet moyen de substitution

L'équation qui donne la longueur de la corne en fonction du nombre d'allèles HR<sup>+</sup> étant linéaire ( $R^2$  très élevé) on peut parler d'un effet moyen de substitution d'un allèle HR<sup>+</sup> par HR<sup>-</sup> et estimer sa valeur qui est de  $a_1 = 5,80 \pm 0,45$  cm au Nord Cameroun et de  $a_2 = 7,18 \pm 0,70$  cm au Tchad. Le rapport de réduction de la longueur des cornes entre le Nord Cameroun et le Tchad de 0,73 est le même que celui de la hauteur au garrot (0,75), ce qui conforte l'hypothèse de l'existence de un ou plusieurs facteurs héréditaires inhibant la croissance des phanères et des os.

### La fréquence du gène et son équilibre

Les tests du  $\chi^2$  du tableau II montrent que la loi de Hardy-Weinberg n'est vérifiée ni au Nord Cameroun ( $\chi^2 = 7,88$  à  $P < 0,01$ ) ni au Tchad ( $\chi^2 = 21,30$  à  $P < 0,0001$ ) ni pour les deux zones confondues ( $\chi^2 = 26,15$  à  $P < 0,0001$ ) car il y a un excès notable d'hétérozygotes, comme déjà observé à première vue.

Dans l'hypothèse où  $s_1 = s_3$ , on remarque tout d'abord que la valeur de la fréquence à l'équilibre doit être de 0,50. Or l'estimation donne 0,44, une valeur assez proche de la valeur attendue. Cela justifie *a posteriori* le choix de la simplification  $s_1 = s_3$  pour l'écriture des équations de vraisemblance, un choix dicté également par la faiblesse des effectifs de certaines classes.

En terme de coefficients de sélection l'estimation de  $s = 2,40$  révèle un avantage sélectif considérable des hétérozygotes par rapport aux deux homozygotes. Ce fait mériterait d'être confirmé. À la naissance les hétérozygotes auraient ainsi 3,4 fois plus de chances de parvenir à l'âge de la reproduction que les homozygotes. Dans ce cas de figure il s'agit évidemment d'un équilibre stable.

### CONCLUSION

L'hypothèse d'un mutant autosomal à dominance intermédiaire capable de réduire la longueur des cornes n'est pas infirmée par les analyses que nous venons de faire. Apparemment l'effet moyen de substitution est linéaire et, en passant du Nord Cameroun au Tchad, on trouve le même rapport de réduction de sa valeur que celui que l'on observe pour la hauteur au garrot. Il reste à savoir quel est le comportement dudit gène dans le sexe mâle. Des preuves issues d'analyses de ségrégation seraient également souhaitables.

### BIBLIOGRAPHIE

- ANDRESEN (E.), BROAD (T.), DI STASIO (L.), DOLLING (C.H.S.), HILL (D.), HUSTON (K.), LARSEN (B.), LAUVERGNE (J.J.), LEVÉZIEL (H.), MALHER (X.), MILLAR (P.), RENIERI (C.), TUCKER (E. M.). Guidelines for Gene Nomenclature in Ruminants. *Génét. Sél. Évolut.*, 1991, 23 : 461-466.
- HAGER (W.W.). Applied Numerical Linear Algebra. Pennsylvania State University, 1988. p. 164-191.
- KEMPTHORNE (O.). The Design and Analysis of Experiments. New-York, London, Wiley Publications in Statistics, 1952. p. 25-26.
- KENDALL (M.G.), STUART (A.). The Advanced Theory of Statistics. Vol. 2. London, Griffin (Ch.) and Compagny Ltd., 1961. p. 35-74.
- LAUVERGNE (J.J.). Progrès des connaissances génétiques sur l'intersexualité associée à l'absence de cornes chez la chèvre d'origine alpine. In : RICORDEAU (G.), LAUVERGNE (J.J.), CORTEEL (J.M.). Actes du Séminaire sur l'intersexualité de la chèvre sans cornes. *Annls Génét. Sél. anim.*, 1969, 1 : 403-412.
- LAUVERGNE (J.J.). Standardized Genetic Nomenclature for Sheep and Goat 1987. Loci for other Visible Traits than Colour and Blood and Milk Polymorphism. Paris, BRG, Lavoisier, 1989. p. 132-133.
- L'HÉRITIER (Ph.). Traité de génétique. La génétique des populations. Tome II. Paris, Presses universitaires de France, 1954. p. 404-436.
- PIRCHNER (F.). Population Genetics in Animal Breeding. San Francisco, Freeman (W.H.) and Compagny, 1969. p. 32-38.
- QUITTET (E.). La chèvre. Guide de l'éleveur. Paris, La Maison rustique, 1977. p. 36-37.
- RICORDEAU (G.). Distinction phénotypique des caprins homo- et hétérozygotes sans cornes. *Ann. Génét. Sél. Anim.*, 1972, 4 : 469-475.
- RICORDEAU (G.), LAUVERGNE (J.J.), CORTEEL (J.M.). Actes du Séminaire sur l'intersexualité de la chèvre sans cornes. *Annls Génét. Sél. anim.*, 1969, 1 : 337-481.
- SPAGNESI (M.), CAGNOLARO (L.), PARCO (F.), SCALA (C.). Capra di Montecristo (*Capra aegagrus hircus*, Linnaeus, 1758). Ozzano del l'Emilia (Bologna). Istituto Nazionale di Biologia della Selvaggina, 1986. p. 50-68.
- TOMASSONE (R.), LESQUOY (E.), MILLER (C.). La regression, nouveaux regards sur une ancienne méthode statistique. Paris, Masson, 1983. p. 15-31.



LAUVERGNE (J.J.), SOUVENIR ZAFINDRAJAONA (P.), MINVIELLE (F.), BOURZAT (D.), ZEUEH (V.). A gene for reducing horn length of goats in North Cameroon and Chad. *Revue Élev. Méd. vét. Pays trop.*, 1993, **46** (4) : 645-650

The histograms of horn length of 2 populations of adult female goats (39 in North Cameroon and 51 in Chad) with a plurimodal shape was analysed and 3 sub-populations were isolated with means of  $m_1 = 16.00 \pm 0.80$  cm,  $m_2 = 10.70 \pm 1.70$  cm and  $m_3 = 4.60 \pm 0.80$  cm for North Cameroon, and  $m_1 = 21.60 \pm 2.60$  cm,  $m_2 = 14.80 \pm 1.80$  cm and  $m_3 = 6.00 \pm 0.00$  cm for Chad. The two populations seemed to carry the same mutation for a reduction of horn length provisionally considered as an autosomal gene with intermediate dominance and with total penetrance. The average effect of substitution of the mutation allele for the wild type allele was  $5.80 \pm 0.45$  cm in North Cameroon and  $7.18 \pm 0.70$  cm in Chad, with a ratio of 0.73, which is very close to that affecting wither height when moving from Chad to North Cameroon (0.75). The mutation was called *HR'* (*reduced*) at the *Horn Reduction* locus *HR*, with the wild type allele *wild* denoted as *HR<sup>+</sup>*. The gene frequency *q* was estimated by Maximum Likelihood at the same time as the coefficient of selection, *s*, of the heterozygote, assuming that the coefficients affecting the homozygotes were zero. By iteration  $q = 0.44$  and  $s = 2.40$ . The superiority of heterozygotes over the two homozygotes was thus very strong and the situation approached that of a stable equilibrium where *q* has a value close to 0.50 provided that the two coefficients of selection of the homozygotes are the same.

*Key words* : Goat - Body measurement - Horn - Gene - Cameroon - Chad.

LAUVERGNE (J.J.), SOUVENIR ZAFINDRAJAONA (P.), MINVIELLE (F.), BOURZAT (D.), ZEUEH (V.). Un gen de réduction de la longueur de los cuernos de la cabra en el norte de Camerún y Chad. *Revue Élev. Méd. vét. Pays trop.*, 1993, **46** (4) : 645-650

Los histogramas de las longitudes de los cuernos de dos poblaciones de cabras adultas (39 en el norte de Camerún y 51 en Chad) presentaron un aspecto plurimodal. El análisis de estos histogramas permitió el aislamiento de 3 sub-poblaciones, de promedios  $m_1 = 16,00 \pm 0,80$  cm,  $m_2 = 10,70 \pm 1,70$  cm y  $m_3 = 4,60 \pm 0,80$  cm para el norte de Camerún y de  $m_1 = 21,60 \pm 2,60$  cm,  $m_2 = 14,80 \pm 1,80$  cm y  $m_3 = 6,00 \pm 0,00$  cm para Chad. Ambas poblaciones parecen ser portadoras del mismo mutante de reducción en la longitud de los cuernos, considerado por el momento como autosomal de dominancia intermedia y de penetración total o sub total. El efecto medio de la sustitución del alelo mutante por el alelo silvestre es de  $5,80 \pm 0,45$  en el norte de Camerún y de  $7,18 \pm 0,70$  cm en Chad, con una relación de reducción de 0,73, cercana de la que afecta la altura al garrote cuando se pasa de Chad al norte de Camerún (0,75). El gen mutante fue llamado *HR'* (*reduced*) en el locus *HR* (*Horn reduction*), el alelo silvestre *wild*, simbolizado por *HR<sup>+</sup>*. Se estimó la frecuencia *q* del gen mutante, por el máximo de similitud, así como el coeficiente de selección *s* del heterocigoto, bajo la hipótesis de que los coeficientes que afectan los homocigotos son nulos. Por iteración se obtienen los siguientes resultados :  $q = 0,44$  y  $s = 2,40$ . La superioridad de los heterocigotos sobre los 2 homocigotos es muy fuerte, se encuentra en una situación de equilibrio estable, donde *q* toma un valor próximo de 0,5, valor esperado si los dos coeficientes de selección de homocigotos son iguales.

*Palabras claves* : Caprino - Medida corporal - Cuerno - Gen - Camerún - Chad.