

Contribution à la caractérisation génétique des ovins du Sénégal : cas des races Ladoum et Touabire

Diara SY, Bakary NDIAYE* et Mbacké SEMBENE

*Département de Biologie Animale, Faculté de Sciences et Techniques, Université Cheikh Anta Diop de Dakar,
BP 5005 Dakar-Fann, Sénégal*

(Reçu le 14 Décembre 2021 ; Accepté le 03 Mars 2022)

* Correspondance, courriel : morbakaryndiaye@hotmail.fr

Résumé

Au Sénégal, l'intérêt pour l'élevage ovin a connu un essor considérable ces dernières décennies aussi bien en milieu rural qu'urbain. Conscients des enjeux socio-économiques de cette activité, de plus en plus de particuliers (commerçants, fonctionnaires, boulangers, etc.) s'y adonnent comme une activité secondaire génératrice de revenus. Malgré l'ampleur que prend la pratique de cet élevage, la caractérisation génétique des races ovines reste sommaire. Ainsi, l'objectif de la présente étude était de faire une discrimination génétique de deux races locales ovines, le Ladoum et le Touabire à partir du gène mitochondrial *Cytochrome B*. L'échantillonnage a été réalisé dans la région de Dakar pour le mouton Ladoum et dans la région de Louga pour le mouton Touabire. Le matériel biologique utilisé était du sang total prélevé à partir de la veine jugulaire des animaux et a servi à l'extraction d'ADN. La méthode PCR-séquençage a été utilisée pour discriminer les populations raciales. Au total, 59 séquences dont 32 Ladoum et 27 Touabire d'une longueur de 949 pb ont été obtenues. Le gène du *Cytochrome B* a présenté une plus grande variabilité dans la population Ladoum avec 28,2 % de sites variables contre 19,5 % dans la population Touabire. Les indices de diversité nucléotidique et haplotypique sont respectivement de 0,933 et 0,075 pour les Ladoum et de 0,897 et 0,039 pour les Touabire. Les valeurs de distance génétique intra-population ont révélé une plus grande stabilité de la population Touabire avec une valeur de $0,042 \pm 0,003$ comparée à la population Ladoum où elle s'est élevée à $0,089 \pm 0,006$. Les relations phylogénétiques ont souligné la présence d'une lignée maternelle unique regroupant les deux populations en un clade monophylétique. Les résultats issus de cette étude permettraient de considérer le mouton Ladoum comme une variété de la race Touabire. Cependant, il faudrait déterminer les autres races utilisées pour la stabilisation de la race Ladoum et de ses caractères phénotypiques spécifiques qu'on lui connaît aujourd'hui.

Mots-clés : *caractérisation génétique, Cytochrome B, races locales ovines, Sénégal.*

Abstract

Contribution to genetic characterization of Senegalese sheeps : case of Ladoum and Touabire breeds

In Senegal, interest in sheep farming has grown considerably in recent decades in both rural and urban areas. Aware of the socio-economic challenges of this activity, more and more individuals (traders, civil servants, bakers, etc.) are engaging in it as a secondary income-generating activity. Despite the extent of the practice of this breeding, the genetic characterization of sheep breeds remains sketchy. Thus, the objective of this study was to make a genetic discrimination of two local sheep breeds, Ladoum and Touabire from the mitochondrial gene *Cytochrome B*. Sampling was carried out in the region of Dakar for the Ladoum sheep and in the Louga region for the Touabire sheep. The biological material used was whole blood collected from the jugular vein of animals and was used for DNA extraction. The PCR-sequencing method has been used to discriminate racial populations. A total of 59 sequences including 32 Ladoum and 27 Touabire with a length of 949 bp were obtained. The *Cytochrome B* gene exhibited greater variability in the Ladoum population with 28.2 % of variable sites against 19.5 % in the Touabire population. The nucleotide and haplotypic diversity indices are respectively 0.933 and 0.075 for the Ladoum and 0.897 and 0.039 for the Touabire. Intra-population genetic distance values revealed greater stability of the Touabire population with a value of 0.042 ± 0.003 compared to the Ladoum population where it amounted to 0.089 ± 0.006 . Phylogenetic relationships revealed the presence of a single maternal lineage grouping the two populations into a monophyletic clade. The results of this study would make it possible to consider the Ladoum sheep as a variety of the Touabire breed. However, it would be necessary to determine the other breeds used for the stabilization of the Ladoum breed and its specific phenotypic characters known to it today.

Keywords : *genetic characterization, Cytochrome B, local sheep breeds, Senegal.*

1. Introduction

Le Sénégal possède une grande diversité de races ovines élevées dans différentes zones agro-écologiques selon des modes de conduite variés. En effet selon la zone, les races les plus adaptées sont privilégiées par les éleveurs. Dans les régions soudaniennes du pays infestées par les glossines subsiste principalement la race ovine Djallonké caractérisée par sa trypanotolérance qui lui permet d'évoluer dans un tel environnement [1, 2]. Cependant, dans la partie Nord et Centre du pays cohabitent les races dites sahéennes, Peul-peul, Touabire, Bali-bali et le métis Waralé qui est issu du croisement entre Peul-peul et Touabire [3, 4]. A la périphérie et à l'intérieur des grandes villes est pratiqué un élevage qualifié d'intensif [5, 6] portant principalement sur le mouton Ladoum [7, 8]. Aussi, d'autres races importées telle que le Bali-bali ou le Balami communément appelé Azawak sont élevés comme mouton de case. Avec l'avènement de l'élevage urbain et l'engouement pour le mouton Ladoum, plusieurs associations ont été créées pour la promotion et la mise en valeur de cette race. Durant les foires et les salons annuels tel que le Salon de l'Alliance pour le Développement et L'Amélioration des races (SALADAM), les « éleveurs de race » les plus réputés exposent les spécimens les plus prisés notamment de race Ladoum [6]. Pour participer à ces manifestations, les éleveurs pratiquent une rude sélection au sein de leur troupeau pour une amélioration continue de la race pour pouvoir présenter des animaux de choix. Ainsi, des animaux atteignant des performances pondérales et des mesures morphométriques jamais rapportées chez les ovins sont présentés et font l'objet de concours sous l'œil avisé de vétérinaires et de spécialistes du domaine triés sur le volet. En effet, les ovins Ladoum présentés peuvent atteindre une hauteur au garrot avoisinant 1,20 m et des poids de 175 kg. Malgré ces performances, les supputations autour de l'origine du mouton Ladoum qui est devenue de notoriété locale et n'ayant pas fini de

démontrer la stabilité de ses populations grâce à la sélection qui lui est appliquée sont nombreuses [9]. En effet, certains auteurs [10 - 12] le décrivent comme étant une sous-population de Touabire obtenue suite à une longue sélection effectuée sur cette dernière. Toutefois au plan génétique, seuls des travaux portant sur l'élucidation de l'origine du Ladoum basée sur le génome mitochondrial en l'occurrence le *Cytochrome B* (*MT-CYTB*) ont été effectués par la méthode PCR-RFLP [13]. Les résultats rapportés par cette étude n'ont pas été concluants mais ont tout de même permis de supputer l'hypothèse selon laquelle le mouton Ladoum serait une variété de la race Touabire. Ainsi, un début de réponse a été apporté par ce gène d'intérêt, le *Cytochrome B*, réputé pour révéler de récents processus démographiques touchant une ou plusieurs populations. Par conséquent, il serait pertinent de réaliser le séquençage de ce gène pour mieux affiner la discrimination et d'étayer d'éventuelles similarités et/ou différences entre ces 2 races locales ovines du Sénégal. C'est dans ce contexte que s'inscrit la présente étude qui a pour objectif de contribuer à une meilleure connaissance des races ovines au plan génétique et d'élucider les origines du mouton Ladoum élevé au Sénégal.

2. Matériel et méthodes

2-1. Sites de l'étude

L'étude a été conduite dans deux régions du Sénégal, Dakar et Louga. Située dans la presqu'île du Cap Vert, la région de Dakar s'étend sur une superficie de 550 km², soit 0,28 % du territoire national. Elle est comprise entre 17° 10' et 17° 32' de longitude Ouest et 14° 53' et 14° 35' de latitude Nord. L'élevage ovin pratiqué dans cette zone est de type intensif et concerne principalement les moutons de case [7, 8, 14]. Les animaux sont élevés dans des enclos devant les maisons ou à l'intérieur au niveau des terrasses en stabulation. Dans la région de Louga, située entre les latitudes 14° 70' et 16° 10' Nord et les longitudes 14° 27' et 16° 50' Ouest avec une superficie de 24 847 km², l'élevage est de type extensif. L'alimentation dépend essentiellement du pâturage naturel dans ce système d'élevage poussant ainsi les éleveurs et leurs animaux à se déplacer sur des distances variables [8, 15]. Aussi, la pratique de la transhumance est fréquente durant les périodes de soudure dans cette partie du pays.

2-2. Echantillonnage

Le choix des troupeaux a été guidé par la présence des races ciblées et la collaboration des propriétaires. Au sein de ces troupeaux, au plus 3 animaux non apparentés ont été choisis. Sur chacun des individus sélectionnés, un prélèvement de sang au niveau de la veine jugulaire a été réalisé dans un tube EDTA (acide éthylène diamine-tétra-acétique). Ainsi, un effectif total de 59 échantillons a été collecté dont 32 issus d'individus de race Ladoum provenant de Dakar et 27 issus d'individus de race Touabire provenant de Louga. Les échantillons de sang obtenus ont par la suite été conservés à 4°C jusqu'à l'extraction d'ADN.

2-3. Etude génétique

2-3-1. Extraction d'ADN et amplification par PCR du *Cytochrome B*

L'ADN a été isolé à partir d'échantillons de sang total en utilisant le protocole standard Kit Qiagen Dneasy Tissue. L'amplification du *Cytochrome B* a été réalisée dans un thermocycleur Eppendorf (Master cycler Gradient 5331 version 2.30.31.09) selon les protocoles PCR classiques avec amorce sens CN-F : 5'-TCTCCATTCTGGTTACAAGAC-3' et amorce anti-sens : 5'-ACCAATGACATGAAAAATCATGGTT-3'. L'amplification par réaction en chaîne par la polymérase (PCR) a été réalisée en utilisant les conditions suivantes : une dénaturation initiale à 94°C pendant 3 min, suivie de 40 cycles avec une dénaturation à 92°C pendant 45 s,

une hybridation à 50°C pendant 1 min et une élongation du brin d'ADN complémentaire à 72°C pendant 1 min 30 s. Une élongation finale à 72°C pendant 10 min a mis fin à la PCR. Un hold à 10°C a été fixé pour stocker les produits PCR jusqu'à leur retrait du thermocycleur. Le séquençage de l'ADN a été réalisé en Corée du Sud à partir de 30 µl de produit PCR.

2-3-2. Analyses génétiques

Les séquences brutes ont été alignées et corrigées manuellement grâce au logiciel BioEdit v7.2.0 [16]. Elles ont fait l'objet d'un BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) pour vérifier la similarité avec la séquence de référence dans GenBank (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>).

2-3-3. Polymorphisme génétique

Les séquences du *MT-CYTB* obtenues ont permis de mettre en évidence les mutations ponctuelles, en l'occurrence les substitutions mais aussi les insertions/délétions au sein de chaque population et entre populations raciales. Le nombre de sites polymorphes, le nombre de sites informatifs, la nature et la position des mutations, le rapport transitions/transversions et la fréquence des nucléotides ont été déterminés avec le logiciel MEGA Version 6.05 [17]. Les diversités haplotypique et nucléotidique [18] et les substitutions synonymes et non-synonymes ont été estimées par le logiciel DnaSP Version 5.1.10 [19].

2-3-4. Différenciation et structure génétique

Les distances génétiques intra et inter-populations qui renseignent sur les relations de proximité existant entre individus au sein d'une population et entre populations mais aussi de la stabilité d'une population ont été explicitées grâce au logiciel MEGA Version 6.05 [17] avec le modèle Kimura-2 Paramètres [20]. L'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) implémentée dans le logiciel Arlequin 3.5.1.3 [21] a été réalisée pour estimer la distribution de la diversité génétique. Cette analyse a permis de vérifier la répartition de la variance génétique totale en des composants dus aux différences entre individus à l'intérieur des populations et entre populations.

2-3-5. Relations phylogénétiques

L'arbre phylogénétique décrivant les relations évolutives entre les populations raciales a été réalisé par la méthode de l'inférence bayésienne disponible dans le programme MrBayes 3.1.2 [22]. C'est une méthode probabiliste fondée sur le calcul de probabilités postérieures des arbres phylogénétiques par la combinaison d'une probabilité *a priori* avec la fonction de vraisemblance. Les valeurs indiquées aux différents nœuds représentent les probabilités postérieures que le clade correspondant soit vrai [23]. L'arbre a été enraciné avec une séquence du *Cytochrome B* de *Capra aegagrus hircus* (chèvre), récupérée dans GenBank.

3. Résultats

3-1. Polymorphisme génétique du *Cytochrome B*

Un effectif total de 59 individus dont 32 appartiennent à la race Ladoum et 27 à la race Touabire a été obtenu. Après alignement et nettoyage, les séquences ont présenté une longueur de 949 pb. Les séquences de la population Ladoum ont présenté 681 sites conservés soit 71,8 % et 268 de sites variables soit 28,2 % (**Tableau 1**). Les sites variables sont répartis en 220 sites informatifs (23 %) et 48 de sites non informatifs

(5 %). Dans cette population, 18 haplotypes ont été répertoriés parmi les 32 séquences avec un nombre total de mutations et de différences nucléotidiques de 295 et 71,038 respectivement. Concernant la population Touabire, 80,5 % des sites du *MT-CYTB* sont conservés contre 19,5 % de sites variables dont 11,6 % sont informatifs et 7,9 % sont non informatifs. Cette population regroupe 13 haplotypes pour un nombre total de mutations de 194 et un nombre de différences nucléotidiques de 37,635. Les valeurs de diversité haplotypique obtenues (Hd) au niveau des races Ladoum et Touabire sont respectivement de 0,933 et 0,897. La diversité nucléotidique (P) s'élève à 0,075 chez les Ladoum et à 0,039 chez les Touabire. Les substitutions synonymes sont supérieures aux substitutions non-synonymes avec des valeurs de Ks plus élevées que celles de Kns dans les deux populations (**Tableau 1**). Les taux de transition et de transversion sont respectivement de 74,12 % et 25,88 %, au niveau de la population de moutons Ladoum tandis que chez le mouton Touabire, le taux de transitions s'élève à 39,94% et les transversions 60,06 %.

Tableau 1 : Paramètres de diversité génétique du Cytochrome B

Paramètres	Ladoum (n = 32)	Touabire (n = 27)
Nombre de sites	949	949
Sites conservés	681 (71,8 %)	764 (80,5 %)
Sites variables	268 (28,2 %)	185 (19,5 %)
Sites variables informatifs	220 (23 %)	110 (11,6 %)
Sites variables non-informatifs	48(5,2 %)	75 (7,9 %)
Nombre total de mutations (Et)	295	194
Nombre d'haplotypes	18	13
Taux de mutation (A)	0,58	0,86
Nombre moyen de différences nucléotidiques	71,038	37,635
Diversité haplotypique (Hd)	0,933	0,897
Diversité nucléotidique (P)	0,075	0,039
Ks	0,102 ± 0,17	0,039 ± 0,007
Kns	0,074 ± 0,006	0,035 ± 0,006
Ks/Kns	0,116	0,568

n : effectif ; Ks : substitution de type synonyme ; Kns : substitution de type non synonyme

3-2. Différenciation et structure génétique

Les distances génétiques intra-populations révèlent une plus grande hétérogénéité au sein de la population Ladoum que dans la population Touabire avec des valeurs respectives de $0,089 \pm 0,006$ et $0,042 \pm 0,003$ (**Tableau 2**). Entre les 2 populations, une distance de 0,077 a été enregistrée. La structuration génétique observée est principalement due à une variation génétique entre individus à l'intérieur des populations qui s'élève à 86,10 %. La variation entre les 2 populations témoignant du degré de différenciation génétique est de 13,90 % (**Tableau 3**).

Tableau 2 : Distances génétiques inter / intra populations

	Distance inter-population	Distance intra-population
	Ladoum	d
Ladoum	-	$0,089 \pm 0,006$
Touabire	0,077	$0,042 \pm 0,003$

Tableau 3 : Structuration génétique des races Ladoum et Touabire

Source de variation	Somme des carrés	Composants de la variance	Pourcentage de variable (%)
Entre populations	159,867	Va = 4,505	13,90
Entre individus à l'intérieur des populations	1590,353	Vb = 27,900	86,10
Total	1750,220	Vt = 32,406	

3-3. Relations phylogénétiques

L'arbre phylogénétique est constitué d'un clade unique et de 5 sous-clades. Ces derniers sont soutenus par des valeurs de probabilités postérieures variant entre 0,95 et 0,54 (*Figure 1*). Les sous-clades 6 et 7 présentent les soutiens bayésiens les plus élevés (0,95 chacun). Le sous-clade 6 est exclusivement constitué d'individus de race Ladoum alors que dans le sous-clade 7 les individus de race Touabire sont prédominants. Avec des nœuds bayésiens de 0,90, les sous-clades 4 et 5 ne regroupent que des individus Ladoum. Les plus faibles valeurs de probabilités postérieures ont été enregistrées au niveau des sous-clades 1, 2 et 3 avec respectivement 0,51 ; 0,54 et 0,58. Le sous clade 1 est principalement constitué d'individus appartenant à la population Ladoum excepté l'individu TBR23 tandis que le sous clade 2 n'est constitué que d'individus de race Touabire. Cependant, le sous clade 3 regroupe des individus appartenant aux 2 populations ovines. Le reste des individus de cet arbre sont non résolus (*Figure 1*).

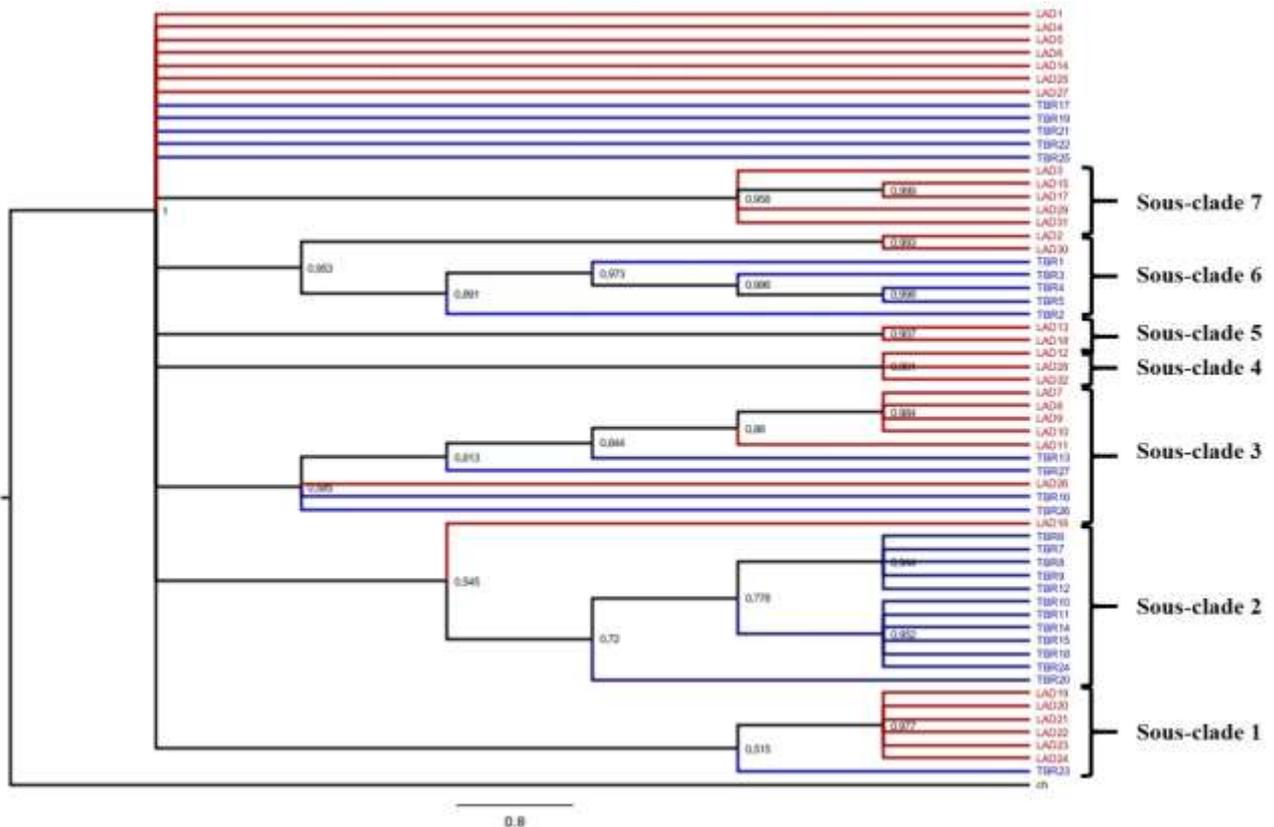


Figure 1 : Arbre phylogénétique par la méthode de l'inférence bayésienne. ch : *Capra aegagrus hircus* représente l'out-group

4. Discussion

L'objectif de cette étude était de contribuer à la caractérisation génétique des races locales ovines Ladoum et Touabire, avec le gène mitochondrial *Cytochrome B*. Il s'agissait aussi d'étudier les relations phylogénétiques entre les 2 races afin de répondre à la lancinante question de l'origine du Ladoum souvent considérée comme une variété de Touabire. Le travail a été effectué, sur 59 individus dont 32 de race Ladoum et 27 de race Touabire. Le polymorphisme génétique du *MT-CYTB* dans la population Ladoum a révélé un plus grand nombre d'haplotypes, des diversités haplotypique et nucléotidique plus élevées et moins de sites conservés comparé à la population Touabire. Cependant, la race Touabire a présenté un taux de mutation supérieure à celui de la race Ladoum avec des valeurs respectives de 0,86 et 0,51. Aussi, le taux de transversions est plus important chez les Touabire. Les résultats obtenus pour le mouton Ladoum sont en accord avec ceux récemment rapportés au Sénégal [8]. Les valeurs élevées de *Hd* et faibles de *Pi* seraient la résultante d'un goulot d'étranglement dans les deux populations suivies d'une croissance rapide et d'une accumulation de mutations. Ce qui pourrait s'expliquer par le fait que les 2 races sont utilisées comme géniteur pour la production d'une descendance avec des caractéristiques jugées de bonne qualité. La valeur de la probabilité de pression de sélection sur les régions codantes, trouvée indique un ratio négligeable par rapport à 1 dans les deux populations. Ce qui indique que le *MT-CYTB* est sous sélection purificatrice pour ces 2 races. L'existence de la probabilité d'une sélection positive serait à l'origine de l'accumulation de mutations non-synonymes. Les moutons Ladoum sont exploités dans un système intensif avec une pratique de la sélection à la recherche de certains caractères satisfaisant à la demande du marché [9]. En effet, l'achat de reproducteurs mâles comme femelles entre éleveurs de race toujours dans l'optique de la sélection est fréquemment observé [14]. Selon le même auteur, les troupeaux de moutons Ladoum sont de type naisseurs, ils sont exploités dès le bas-âge notamment les femelles. Concernant les ovins de race Touabire, ils sont exploités dans les zones où les systèmes extensif et semi-intensif sont de règle [3].

En effet, les béliers de cette race sont le plus souvent introduits comme géniteurs dans les troupeaux de Peul-peul dans le Ferlo ou dans le Bassin arachidier. Aussi au sein de la race, la sélection est effectuée pour tendre vers de meilleures performances. Les distances génétiques ont révélé une plus grande homogénéité au sein de la population Touabire qu'au sein de la population Ladoum avec des valeurs respectives de 0,042 et 0,089. Ce qui laisse paraître une certaine stabilité de la population Touabire comparée au mouton Ladoum pour le *MT-CYTB*. Ces résultats sont en désaccord avec des études antérieures qui avait rapporté à partir de 15 loci microsatellites que le génotype Ladoum faisait de cette race la population ovine la plus stable comparée aux autres races ovines sahéliennes du Sénégal [9]. Toutefois, la distance génétique entre Ladoum et Touabire reste faible ($d = 0,077$). Aussi, les 2 populations ovines partagent 1/3 des haplotypes soit 10 des 30 haplotypes répertoriés dans cette étude, témoignant ainsi de leur proximité au plan génétique. Ceci corrobore les résultats obtenus à partir de loci microsatellites avec de faibles valeurs de distances génétiques entre les populations Ladoum et Touabire comparée aux autres races ovines sahéliennes du Sénégal [9] ; et, la plus faible valeur de différenciation génétique entre ces deux races avec les marqueurs SNPs [24]. Ceci pourrait s'expliquer par l'origine du Ladoum souvent considéré comme une variété de Touabire. En effet, suite à une longue sélection effectuée sur ces deux races par les éleveurs de la région de Thiès depuis les années 1970, certaines différences dues notamment aux pratiques d'élevage ont été accumulées [6]. Comme l'affirme plusieurs auteurs, la première sélection de moutons Ladoum au Sénégal a été faite à partir d'un troupeau de moutons Touabire tous deux originaires de Mauritanie [11, 13, 24]. L'analyse de la variance entre populations a révélé une différenciation génétique de 13,90 %, suggérant l'existence d'une structuration génétique entre les 2 populations ovines. Cette structuration génétique peut s'expliquer à différents niveaux. Les 2 populations ne partagent pas la même zone d'élevage et ne sont pas soumis aux mêmes conditions et pratiques d'élevage. En effet, le mouton Ladoum est principalement élevé à la périphérie et à l'intérieur des

grandes villes selon un mode intensif. La reproduction dans ce type d'élevage est contrôlée et dans leurs pratiques, les éleveurs privilégient la sélection au sein même de la race [6]. En revanche bien qu'étant des moutons de case, les ovins de race Touabire sont retrouvés au niveau de la Vallée du Fleuve, dans le Ferlo et dans le Bassin arachidier et sont conduits le plus souvent en système pastoral ou agropastoral [9]. Ils sont généralement retrouvés dans des élevages en association avec les ovins de race Peul-peul pour l'amélioration des performances de cette dernière [4]. Dans ce type de système, les brassages génétiques sont fréquents et la reproduction demeure incontrôlée car l'alimentation repose essentiellement sur les pâturages naturels. Par conséquent, la mobilité pour la recherche de nourriture fait que les saillies peuvent avoir lieu durant ces déplacements pouvant entraîner des brassages avec d'autres troupeaux. Les barrières géographique et reproductrice pourraient à long terme entraîner une différenciation génétique beaucoup plus prononcée entre les 2 races. L'analyse phylogénétique a montré un clade monophylétique regroupant l'ensemble des individus des 2 populations avec des soutiens bayésiens pouvant aller jusqu'à 0,95 et regroupant des individus appartenant à la même race c'est le cas des sous-clades 1 et 3. Cette topologie décrit une lignée maternelle unique avec une certaine structuration. Cependant, des introgressions sont notées entre populations pour le gène *Cytochrome B*. En effet à chaque génération, des bribes du génome mitochondrial sont hérités des femelles reproductrices. Ainsi, ce groupe monophylétique observé pourrait s'expliquer par le fait que les 2 populations ovines partagent des synapomorphies. Ces synapomorphies sont des caractères hérités d'un ancêtre commun mais ayant subi des modifications qu'ils ont acquis au cours de l'évolution par le biais de l'amélioration génétique (croisement et/ou sélection). Une telle topologie de l'arbre phylogénétique associée aux valeurs estimées pour la diversité et la différenciation génétique confirmerait l'hypothèse selon laquelle le mouton Ladoum serait une variété de la race ovine Touabire.

5. Conclusion

La caractérisation génétique des races ovines Ladoum et Touabire à partir du *Cytochrome B* a révélé une structuration génétique des deux populations bien que présentant certaines similarités. Les analyses phylogénétiques ont montré que les 2 populations partagent la même lignée maternelle. Ainsi, malgré des aires d'élevage et des systèmes de production différents, faisant intervenir de manière disjointe notamment la sélection, les races Touabire et Ladoum présentent toujours des similarités héritées d'un ancêtre commun. Comme supputé par les précédents auteurs, les résultats de cette étude confirment que le Ladoum est une sous-population de Touabire. Toutefois, il serait judicieux de faire une investigation sur les autres races qui auraient été utilisées pour la stabilisation de la race Ladoum.

Références

- [1] - A. FALL, M. DIOP, J. SANDFORD, Y. J. WISSOCQ, J. DURKIN et J. C. M. TRAIL, Evaluation des productivités des ovins Djallonké et des taurins N'Dama au Centre de recherches zootechniques de Kolda, Sénégal, Rapport de recherche N°3, Centre International Pour l'Elevage en Afrique, (1982)
- [2] - A. B. GBANGBOCHE, F. A. ABIOLA, J. P. LAPORTE, S. SALIFOU et P. L. LEROY, Amélioration des ovins dans l'Ouémé et le Plateau en République du Bénin. Enjeux de croisement des ovins Djallonké avec les moutons du Sahel, *Tropicultura*, 20 (2) (2002) 70 - 75
- [3] - A. GUEYE, Moutons et chèvres du Sénégal : caractérisation morpho-biométrique et typage sanguine, Thèse de Médecine vétérinaire, EISMV, Dakar, (1997)
- [4] - B. NDIAYE, M. N. DIOUF, M. CISS, M. WANE, M. DIOP et M. SEMBENE, Morphologie et Pratiques d'élevage du mouton Peul-peul du Sénégal, *Int. J. Adv. Res.*, 6 (5) (2018) 727 - 738

- [5] - O. TOURE et S. M. SECK, Exploitations familiales et entreprises agricoles dans la zone des Niayes au Sénégal, International Institute for Environment and Development, Dossier N° 133 (2005)
- [6] - A. K. FALL, A. DIENG et S. NDIAYE, L'élevage des moutons de race Ladoum dans la commune de Thiès, Sénégal : caractéristiques socioéconomiques et techniques, *Afrique Science*, 13 (4) (2017) 140 - 150
- [7] - E. H. Y. THIOR, Analyse des stratégies endogènes d'alimentation en élevage ovin Ladoum dans la région de Thiès et propositions d'amélioration, Thèse Médecine Vétérinaire, EISMV, Dakar, (2013)
- [8] - C. GUEYE, Caractérisation génétique des moutons de race Ladoum en fonction des locations au Sénégal, Mémoire de Master en Biologie animale, Spécialité Génétique des populations, UCAD, Dakar, (2020)
- [9] - B. NDIAYE, L'élevage des petits ruminants dans le Ferlo : pratiques d'élevage, dynamique des troupeaux et caractérisation génétique du mouton Peul-peul du Sénégal, Thèse de doctorat en Biologie animale, Spécialité Génétique des populations, UCAD, Dakar, (2019)
- [10] - M. C. B. PAUL, Sénégal : un système de santé animale en voie de privatisation, Thèse de Médecine vétérinaire : Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, à la Faculté de Médecine de Créteil, (2005)
- [11] - H. OUSSEINI, Analyse socio-économique des élevages du mouton Ladoum dans la commune de Thiès/Sénégal, Mémoire de Master en Productions Animales et Développement Durable, EISMV, Dakar, (2011)
- [12] - F. DIACK, E. H. TRAORE E. H. Y. THIOR, C. GUEYE, M. SEMBENE et M. SECK, Etude de quelques caractéristiques morphobiométriques de la race Ladoum du Sénégal, *Int. J. Adv. Res.*, 9 (6) (2021) 315 - 323
- [13] - M. C. SADIO, Caractérisation génétique des races ovines sahéliennes : étude du Ladoum et du Touabire, Mémoire de Master en Biologie animale, Spécialité Génétique des populations, UCAD, Dakar, (2010)
- [14] - M. S. SALL, Caractérisation morphobiométrique et système d'élevage, Mémoire de fin d'études en Ingénieur des travaux, Option Elevage, UT, Thiès, (2007)
- [15] - B. NDIAYE, M. N. DIOUF, M. CISS, M. WANE, M. DIOP and M. SEMBENE M, Phenotypic characterization of Senegalese Peul-peul sheep, *Int. J. Adv. Res.*, 7 (2) (2019) 1021 - 1027
- [16] - T. A. HALL, BioEdit : a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl. Acids. Symp. Ser.*, 41 (1999) 95 - 98
- [17] - K. TAMURA, G. STECHER, D. PETERSON, A. FILIPSKI and S. KUMAR, MEGA6 : Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0, *Mol. Biol. Evol.*, 30 (2013) 2725 - 2729
- [18] - M. NEI, Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals 583 - 590
- [19] - P. LIBRADO and J. ROZAS, DnaSP version 5.10 : A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25 (2009) 1451 - 1452
- [20] - M. KIMURA, A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences, *J. Mol. Evol.*, 16 (10) (1980) 111 - 120
- [21] - L. EXCOFFIER, G. LAVAL and S. SCHNEIDER, Arlequin Version 3.1 : An integrated software package for population genetics data analysis, *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1 (4) (2005) 47 - 50
- [22] - J. P. HUELSENBECK and F. RONQUIST, MrBayes Version 3.1.2 (Bayesian Analysis of Phylogeny), School of Computational Science Florida State University, (2001)
- [23] - F. DELSUC and E. J. P. DOUZERY, Les méthodes probabilistes en Phylogénie Moléculaire : (2) L'approche bayésienne, *Biosystema, Avenir et pertinence des méthodes d'analyse en phylogénie moléculaire*, 22 (12) (2004) 75 - 86
- [24] - M. B. KABORE, Caractérisation génétique des races ovines au Sénégal à l'aide des marqueurs SNP, Mémoire de Master en Productions animales et développement durable, EISMV, Dakar, (2019)