



Original Paper

<http://ajol.info/index.php/ijbcs>

<http://indexmedicus.afro.who.int>

Diversité génétique du *Cytochrome B* et relations évolutives entre les races locales ovines sahéliennes du Sénégal

Ndéné NDIAYE^{1,2*}, Bakary NDIAYE^{1,2} et Mbacké SEMBENE^{1,2}

¹ Département de Biologie Animale, Université Cheikh Anta Diop de Dakar (UCAD), BP 5005 Dakar-Fann, Sénégal.

² Equipe Génétique et gestion des populations, Département de Biologie Animale, FST-UCAD, BP 5005 Dakar-Fann, Sénégal.

*Auteur correspondant ; E-mail : ndenendiaye906@gmail.com ; Tel : +221 78 536 27 72

Received: 21-02-2022

Accepted: 22-06-2022

Published: 30-06-2022

RESUME

La connaissance de la diversité génétique des animaux d'élevage est un impératif pour leur bonne gestion. Au Sénégal, les pratiques d'élevage notamment l'amélioration génétique par la sélection sur les races locales ovines seraient à l'origine de la diversité phénotypique observée. Cependant, peu d'études génétiques ont été entreprises. L'objectif de cette étude était de contribuer à la caractérisation génétique des races locales ovines Peul-peul, Touabire et Ladoum du Sénégal. L'échantillonnage a été conduit dans les régions de Dakar et Thiès pour la race Ladoum et dans la région de Louga pour les races Peul-peul et Touabire. Dans chaque troupeau, au plus 3 animaux non apparentés ont été choisis. Le matériel biologique était constitué du sang total prélevé au niveau de la veine jugulaire des animaux. Le gène ciblé pour cette étude était le *Cytochrome B*. Les résultats obtenus ont révélé une plus grande diversité du *Cytochrome B* au sein de la population Peul-peul et la plus faible dans la population Ladoum. En effet, le mouton Peul-peul a présenté 24% de sites polymorphes et des diversités haplotypique et nucléotidique de $0,911 \pm 0,054$ et $0,069 \pm 0,035$. Par contre, 7% de sites variables ont été recensés dans la population Ladoum avec des valeurs de diversités haplotypique et nucléotidique respectives de $0,789 \pm 0,086$ et $0,009 \pm 0,005$. L'analyse phylogénétique a révélé deux lignées maternelles, l'une constituée par la population Peul-peul et l'autre regroupant les populations Touabire et Ladoum avec des introgressions entre clades. Les pratiques d'élevage seraient à l'origine de la diversité et de la structuration génétique des races ovines sahéliennes du Sénégal.

© 2022 International Formulae Group. All rights reserved.

Mots clés : caractérisation génétique, race locale ovine, pratiques d'élevage, Sénégal.

Genetic diversity of *Cytochrome B* and evolutionary relationships between Senegalese Sahelian local sheep breeds

ABSTRACT

Knowledge of the genetic diversity of farm animals is an imperative for their better management. In Senegal, breeding practices in particular genetic improvement through selection of local sheep breeds would be at the origin of the observed phenotypic diversity. However, few genetic studies have been undertaken. The

objective of this study is to contribute to the genetic characterization of Senegalese local sheep breeds, Peul-Peul, Touabire and Ladoum. Sampling was conducted in the Louga region for the Peul-Peul and Touabire breeds and in Dakar and Thiès regions for the Ladoum breed. In each herd, at most 3 unrelated animals were chosen. The biological material consisted of whole blood taken from the jugular vein of the animals. The gene targeted for this study is *Cytochrome B*. The results showed a greater diversity of *Cytochrome B* within the Peul-Peul population and the lowest in the Ladoum population. Indeed, Peul-Peul sheep presented 24% of polymorphic sites, haplotypic and nucleotide diversity of 0.911 ± 0.054 and 0.069 ± 0.035 . In contrast, 7% of variable sites were identified in the Ladoum population with respective haplotypic and nucleotide diversity values of 0.789 ± 0.086 and 0.009 ± 0.005 . Phylogenetic analysis revealed two maternal lineages, one constituted by the Peul-Peul population and the other grouping together the Touabire and Ladoum populations with introgressions between clades. Breeding practices would be at the origin of the diversity and genetic structuring of Senegalese Sahelian sheep breeds.

© 2022 International Formulae Group. All rights reserved.

Keywords: genetic characterization, local sheep breed, breeding practices, Senegal.

INTRODUCTION

L'élevage revêt au Sénégal une grande importance tant sur le plan socio-économique que religieux et culturel. Il constitue un maillon essentiel de l'économie, à travers la promotion des exportations, la création d'emplois et la satisfaction des besoins alimentaires des populations (PNDE, 2016). Beaucoup de ménages, surtout en milieu rural, s'adonnent à des activités d'élevage et y tirent l'essentiel de leurs revenus (PNDE, 2016). En effet, l'activité d'élevage joue un rôle d'épargne et constitue un moyen de réduction de la pauvreté et d'amélioration de la sécurité alimentaire pour les ménages (Ndiaye et al., 2018). En dépit de cette importance, le poids de l'élevage dans le produit intérieur brut (PIB) national (3,6% en 2018) ainsi que sa contribution à la croissance (0,1% pour un PIB qui a progressé de 6,4% entre 2016 et 2018) restent relativement faible par rapport au potentiel du secteur (ANSD, 2020). Ainsi, la faible productivité et le manque de compétitivité du cheptel seraient à l'origine du déficit en produits carnés (Diedhiou, 2012 ; PNDE, 2016). Cette situation engendre une hausse croissante du volume des importations surtout en ce qui concerne les ovins (MEPA, 2019). Ces importations sont néfastes pour l'économie du pays ce qui nécessite l'élaboration d'autres alternatives d'autant plus que les ovins représentent 39% du cheptel national (ANSD, 2020).

Le contexte actuel du changement climatique a donné une attention particulière aux races dites sahéliennes en particulier les ovins dont les connaissances sur le plan génétique restent parcellaires. En effet, la recherche au Sénégal met de plus en plus l'accent sur les races ovines locales à cause de leur importance socio-économique mais aussi, de leur adaptation aux conditions difficiles d'élevage notamment en zone sahélienne où l'alimentation est essentiellement basée sur le pâturage naturel qui lui-même est fortement tributaire de la pluviométrie (Ndiaye et al., 2018). Comme décrit par Diouf et al. (2021), l'alimentation est l'un des principaux facteurs limitant de l'élevage extensif. Ce déficit de pâturage en qualité et en quantité suffisante pour les animaux d'élevage est la résultante d'une pluviométrie faible et inégalement répartie dans le Ferlo. Toutefois, la résilience de cet élevage grâce aux bonnes pratiques de gestion adoptées par les éleveurs permet de garder un niveau de production satisfaisant (Ndiaye et al., 2019 ; Diouf et al., 2021).

A l'opposé, au niveau des grandes villes et de leurs périphéries s'est développé un « nouveau » type d'élevage avec comme égérie le mouton Ladoum. Cet élevage de type intensif est caractérisé par la recherche d'animaux d'exception (Fall et al., 2017). Ainsi, l'amélioration génétique par la sélection est de rigueur pour alimenter son marché

constitué d'éleveurs de race. Cette pratique n'est pas sans conséquence au niveau de cette population ovine qui se reproduit principalement en son sein, ce qui pourrait conduire à une réduction de la diversité génétique.

Cette étude s'inscrit donc dans la dynamique de gestion, de conservation et d'amélioration des ressources zoogénétiques. Elle avait pour objectif de contribuer à la caractérisation génétique des principales races locales ovines sahéliennes du Sénégal, Peul-peul, Touabire et Ladoum.

MATERIEL ET METHODES

Sites d'étude

L'étude a été réalisée de janvier à août 2021 dans une partie de la zone des Niayes précisément dans les départements de Dakar, Guédiawaye (région de Dakar), Thiès et Mbour (région de Thiès), et dans une partie du Ferlo (région de Louga département de Linguère). La zone des Niayes est localisée administrativement dans les quatre régions bordant la frange côtière maritime du Nord du Sénégal qui est située à 12° 8 et 16° 41 de latitude Nord et 11° 21 et 17° 32 de longitude Ouest à savoir Dakar, Thiès, Louga et Saint Louis. Le climat de la zone est de type sahélien marqué par une longue saison sèche d'octobre à juin et une courte saison pluvieuse de trois mois (Touré et Seck, 2005). L'élevage dans la zone des Niayes est à dominante intensive ou semi-intensive (Fall et al., 2017). Elle héberge un faible pourcentage du cheptel national. Son extension s'oppose aux contraintes spatiales (Fall et al., 2001). Le Ferlo est situé géographiquement entre les latitudes 15° et 16°30 Nord et les longitudes 13° 30 et 16° Ouest. Tout comme la zone des Niayes, le Ferlo est caractérisé par une saison sèche de 9 mois (d'octobre à juin) et une saison des pluies de 3 mois (de juillet à septembre). Cette zone est centrée sur une partie des régions de Saint-Louis, de Louga et de Matam. La pratique de l'élevage y est un élément fondamental en raison des savoirs endogènes et des expériences capitalisées pendant des siècles. L'élevage se fait le plus souvent selon le mode

extensif suivant la disponibilité en eau et des pâturages du cheptel (FAO, 2013).

Collecte de données

Dans le cadre de cette étude, la population d'étude a été définie comme étant l'ensemble des individus de la même race. A ce titre, trois (3) populations ont été obtenues : Peul-peul, Touabire et Ladoum. Pour chaque population, vingt (20) individus non apparentés ont été sélectionnés. Le choix des exploitations de provenance des animaux s'est fait selon la présence d'au moins l'une des races étudiées et le consentement de l'éleveur. Pour la race Ladoum l'échantillonnage a été réalisé au niveau des départements cités plus haut dans la zone des Niayes. Cependant pour les races Peul-peul et Touabire, le département de Linguère qui constitue leur aire de répartition a été choisi. Les échantillons collectés ont été obtenus suite à un prélèvement au niveau de la veine jugulaire des animaux. Le sang a été recueilli dans des tubes vacutainer contenant de l'acide éthylène diamine-tétra- acétique (EDTA) comme anticoagulant. Les échantillons de sang ainsi obtenus ont été conservés au laboratoire à une température de 4°C jusqu'à l'extraction d'ADN.

Etude génétique

Extraction d'ADN, PCR et séquençage

Le Kit Zymo research a été utilisé pour l'extraction de l'ADN à partir des prélèvements de sang en suivant les recommandations du fabricant. La qualité de l'ADN extrait a été vérifiée par migration électrophorétique sur gel d'agarose dans un Tampon TAE 0,5X (Tris-Base 2M, Acetic acid 1 M, EDTA 0,05 M) et d'une solution de Bromure d'Ethidium (BET : agent intercalant de l'ADN). La taille de l'ADN est évaluée à l'aide d'un marqueur de taille SmartLadder 200 pb. L'amplification par PCR du gène *Cytochrome B (CYTB)* à partir des extraits d'ADN a été faite avec une amorce sens : 5'-TCTCCATTTCTGGTTTACAAGAC -3' et une amorce anti-sens : 5'-ACCAATGACATGAAAAATCATGGTT -3'. Elle a été réalisée dans un thermocycleur Eppendorf (Master cycler Gradient 5331 version 2.30.31.09) selon les protocoles de

PCR classique. Les conditions de l'amplification sont résumées dans le Tableau 1.

Analyses génétiques

Diversité génétique du *CYTB*

Après correction, nettoyage et alignement des séquences obtenues, le polymorphisme et les paramètres standard de la diversité génétique dont la diversité haplotypique (*Hd*) et la diversité nucléotidique (*Pi*) ont été déterminées à l'aide du logiciel Dnasp version 5.10 (Librado et al., 2010) dans chacune des 3 populations (Peul-peul, Touabire, Ladoum). Parmi les paramètres de polymorphisme qui ont été déterminés il y a le nombre de sites variables (polymorphes), le nombre de sites informatifs en parcimonie, le nombre de mutations, le nombre moyen de différences de nucléotidiques (k) et les haplotypes. La nature et le taux des mutations ont été évalués à l'aide du logiciel MEGA7 version 7.0.14 (Tamura et al., 2013).

Différenciation et structure génétique des populations ovines

L'estimation de la différenciation génétique entre les races ovines a été réalisée grâce à deux indices le *F_{ST}* ou degré de différenciation génétique (dont les valeurs sont

surestimées pour les séquences nucléotidiques) et la distance génétique. Les valeurs de *F_{ST}* entre populations ont été obtenues grâce au logiciel Arlequin version 3.5.1.3 (Excoffier and Lischer, 2010). Le calcul des distances génétiques intra et inter populations a été réalisé par le logiciel MEGA7 version 7.0.14 (Tamura et al., 2013).

Pour déterminer la structure génétique des races ovines locales sahéliennes du Sénégal l'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) implémentée dans le programme Arlequin version 3.5.1.3 (Excoffier and Lischer, 2010) a été utilisée.

Relations phylogénétiques

Les relations évolutives entre races ovines ont été mises en exergue par la construction d'un arbre phylogénétique par la méthode de l'inférence bayésienne exécutée par le logiciel MrBayes version 3.1.2 (Huelsenbeck et Ronquist, 2001). Elle est basée sur le calcul 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 (Delsuc et Douzery, 2004). Une séquence du gène *Cytochrome B* de *Capra aegagrus hircus*, récupérée dans GenBank, a servi à enraciner l'arbre.

Tableau 1. Amorces et conditions de l'amplification par PCR.

Régions	Amorces	Programmes
<i>CYTB</i>	Forward L14723 ACCAATGACATGAAAAATCATGGTT	Dénaturation initiale : 94°C 3min Nombre de cycles : 40 cycles Dénaturation : 94°C pendant 45s Hybridation : 52°C pendant 1min Elongation : 72°C pendant 1min30
	Reverse H15915 TCTCCATTTCTGGTTTACAAGAC	Elongation finale : 72°C pendant 10 min

RESULTATS

Diversité génétique du *Cytochrome B*

Les paramètres de diversité génétique du *CYTB* sont consignés dans le Tableau 2. Le *Cytochrome B* chez les races ovines sahéliennes du Sénégal a présenté 37,81% de sites polymorphes dont 50,29% de sites informatifs en parcimonie. Elle est plus accentuée au niveau de la population Peul-peul avec cent-huit (108) sites variables, soixante-huit (68) sites informatifs en parcimonie, un nombre moyen de différences nucléotidiques de 31,016 et 13 haplotypes dont 10 uniques. La population de race Touabire suit avec 16% de sites polymorphes (73 sites variables), neuf (9) sites informatifs en parcimonie, un nombre moyen de différences nucléotidiques de 8,826 et huit (8) haplotypes sur les vingt (20) séquences dont six (6) uniques. La plus faible variabilité a été observée dans la population Ladoum avec trente-trois (33) sites variables, trois (3) sites informatifs en parcimonie, un nombre moyen de différences nucléotidiques de 3,947 et neuf (9) haplotypes dont six (6) uniques. Les indices de diversité génétique à savoir la diversité haplotypique et nucléotidique suivent la même tendance. En effet, elles étaient plus importantes chez le Peul-peul avec des valeurs respectives de $0,911 \pm 0,054$ et $0,069 \pm 0,035$; dans la population d'ovins Touabire, elles s'élevaient à $0,695 \pm 0,108$ et $0,02 \pm 0,011$ alors que chez le Ladoum elles ont été estimées à $0,789 \pm 0,086$ et $0,009 \pm 0,005$. Le taux de mutation était inférieur à 1 chez les populations Peul-peul et Ladoum avec respectivement 0,84 et 0,63. Cependant, le taux de mutation du gène *CYTB* dans la population Touabire a été de 1,27. L'estimation des substitutions montrait toutefois que les substitutions non synonymes (*K_{ns}*) étaient supérieures aux substitutions synonymes (*K_s*) dans la population Touabire contrairement aux autres populations où *K_{ns}* < *K_s*.

Différenciation et structure génétique des populations ovines

Les distances génétiques étaient plus importantes au sein de la population Peul-peul et plus faibles chez le mouton Ladoum avec

respectivement 0,075 et 0,009 (Tableau 3). Lorsque les populations ont été prises deux à deux, Touabire et Ladoum étaient beaucoup plus proches du point de vue de leurs distances génétiques (0,015) suivis de Peul-peul/Ladoum (0,063) et de Peul-peul/Touabire (0,070). La différenciation génétique globale entre races ovines a été de 0,294. Les valeurs de *F_{ST}* entre paires de populations étaient toutes significatives et montraient une plus grande différenciation génétique entre le Ladoum et le Peul-peul (0,338) et une plus faible différenciation entre le Touabire et le Ladoum (0,031).

Les résultats de l'analyse moléculaire de la variance sur les races locales ovines sahéliennes du Sénégal sont présentés dans le Tableau 5. Ils montrent une variation génétique significative entre les populations ($P < 0,05$). Environ 70% de cette variation génétique observée est expliquée par la variation au sein des populations et 29,47% par la variation entre les populations.

Relations phylogénétiques

L'arbre phylogénétique obtenu par la méthode de l'inférence bayésienne laisse apparaître deux subdivisions ou clades (Figure 1). Le premier clade regroupe les populations Ladoum et Touabire et le deuxième est essentiellement formé d'individus de race Peul-peul excepté un individu Ladoum (LAD2). Ces deux clades sont soutenus par des nœuds avec des valeurs de 0,86 et 0,54 respectivement. Le clade 1 est formé de 3 sous-clades. Le premier, avec un soutien bayésien de 0,67, est principalement constitué d'animaux de race Ladoum excepté l'individu TBR16. Les sous-clades 2 et 3 regroupant uniquement des individus de race Touabire présentent des valeurs de probabilités postérieures respectives de 0,77 et 0,99. Toutefois, le sous-clade 2 est touché par l'introgression d'un individu de race Peul-peul. Aussi subdivisé en 3 sous-clades, le clade 2 présente des soutiens bayésiens qui varient entre 0,7 et 0,93. Les sous-clades 4 et 5 sont exclusivement formés d'individus Peul-peul. N'étant constitué que de 2 individus (P4 et P9), le 3^{ème} sous-clade est soutenu par un nœud bayésien de 0,88 (Figure 1).

Tableau 2 : Les paramètres de la diversité génétique du gène *CYTB* pour les différentes populations.

Paramètres	Peul-peul	Touabire	Ladoum
Taille des échantillons	20	20	20
Nombre total de sites	447	447	447
Nombre de sites polymorphes	108(24%)	73(16%)	33(7%)
Sites informatifs en parcimonie	68(62,96%)	9(12,33%)	3(9,09%)
Nombre de mutations	146	75	34
Nombre moyen de différences nucléotidiques	31,016	8,826	3,947
Taux de mutation <i>Trs/Trv (R)</i>	0,84	1,27	0,63
Type de substitution <i>Kns/ Ks</i>	0,053/0,061	0,020/0,017	0,007/0,012
Nombre d'haplotypes	13	8	9
Diversité haplotypique	0,911±0,054	0,695±0,108	0,789±0,086
Diversité nucléotidique	0,069±0,035	0,020±0,011	0,009±0,005

Trs= Transition, Trv= Transversion, Kns= Substitution non synonyme, Ks= Substitution synonyme, et R= Taux de mutation

Tableau 3 : Distances génétiques intra et interraciales.

Distances génétiques	Populations		
	Peul-peul	Touabire	Ladoum
Peul-peul	<i>0,075(0,009)</i>		
Touabire	0,070 (0,008)	<i>0,021(0,002)</i>	
Ladoum	0,063 (0,007)	0,015 (0,002)	<i>0,009(0,002)</i>

Les valeurs en italiques correspondent aux distances génétiques intra-populations et les autres correspondent aux distances génétiques inter-populations.

Tableau 4 : Degré de différenciation génétique.

<i>F_{ST}</i>	Populations		
	Peul-peul	Touabire	Ladoum
Peul-peul	-		
Touabire	0,315***	-	
Ladoum	0,338***	0,031***	-

Les valeurs avec*** sont des F_{ST} avec des p-values<0.001.

Tableau 5. Résultats de l'analyse de la variance moléculaire (AMOVA).

Sources de variations	Somme des carrés	Composantes de la variance	Pourcentage de la variance
Inter populationnel	136,583	3,050	29,47
Intra populationnel	416,000	7,298	70,53
Index de Fixation		<i>F_{ST} : 0,29471</i>	

population Ladoum, particulièrement sa reproduction très contrôlée. Cependant, la prédominance des transversions du gène *Cytochrome B* au niveau de cette population pourrait être expliquée par les échanges qui se font entre éleveurs venus de divers horizons à l'occasion des foires ou événements impliquant les moutons de races. Les résultats concernant les transversions et les transitions sont discordants avec ceux de Sy (2020).

Les races locales ovines sahéliennes du Sénégal sont nettement différenciées et structurées. En effet, les résultats de la variance moléculaire révélaient une variation génétique significative ($p < 0,05$). Elle est principalement expliquée par une variation au sein des populations qui explique 70,53% de la variance observée. Ainsi, la différenciation due aux variations entre populations ovines s'est élevée à 29,47%. Les valeurs de F_{ST} significatives obtenues entre paires de populations sont comprises entre 0,031 et 0,338. La plus grande proximité entre paires de populations a été observée entre les populations Ladoum et Touabire qui ont les plus faibles valeurs de distance génétique et de différenciation génétique (0,015 et 0,031 respectivement).

Les résultats concernant les distances génétiques entre ces deux races sont en accord avec ceux de Sy (2020). Contrairement aux distances génétiques intra-population qui montrent une plus grande hétérogénéité au sein de la population Touabire par rapport à la population Ladoum.

Cette proximité pourrait être expliquée par la présence d'un polymorphisme ancestrale partagé par les deux populations. En effet, les sélections répétitives effectuées sur la race Touabire auraient abouti à l'émergence d'une nouvelle race, le Ladoum, comme souligné par plusieurs auteurs (Sadio, 2010 ; Kaboré, 2019 ; Sy, 2020). Par conséquent, les races Touabire et Ladoum partageraient la même lignée maternelle.

Très apprécié en élevage urbain à cause de son format et de ses caractéristiques phénotypiques, le mouton Ladoum est élevé selon le mode intensif avec la pratique d'une sélection rigoureuse qui fait qu'il se démarque

de plus en plus des autres populations ovines au plan génétique.

La différenciation génétique marquée entre les moutons Peul-peul et Ladoum serait la résultante d'aires de répartition éloignées et de pratiques d'élevage différentes. En effet, le mouton Peul-peul est principalement élevé dans le Ferlo en grands troupeaux selon le mode extensif alors que le Ladoum est élevé au niveau des grandes villes et de leurs périphéries avec un niveau d'intrants élevé. Bien que peu fréquente, l'utilisation de quelques mâles Ladoum comme géniteurs est pratiquée par certains éleveurs du Ferlo pour améliorer les performances des ovins de race Peul-peul. Ces résultats sont en accord avec ceux de Kaboré (2019) et Ndiaye (2019).

La reproduction et la sélection sont contrôlées au sein des troupeaux Ladoum. Le choix des géniteurs mâles et femelles pour la reproduction est généralement basé sur des aspects phénotypiques propres aux animaux choisis mais aussi sur l'ascendance. Ainsi, l'appartenance de tel ou tel autre animal à une lignée célèbre et ayant fait ses preuves en termes de descendants de qualité est privilégié. Cependant, ces aspects ne sont pas encore bien documentés. Les ovins de race Ladoum ne sont croisés qu'entre eux exception faite pour la race Balami communément appelée « Azawak » comme rapporté par Diack et al. (2021). En effet, certains caractères phénotypiques de cette race (fanon, chanfrein convexe...) sont très appréciés des éleveurs de Ladoum ce qui explique l'introduction de cette race ovine originaire du Niger (Agaviezor et al., 2012) dans leurs schémas de sélection (Fall et al., 2017).

Une relative proximité a été observée entre Peul-peul et Touabire et pourrait être imputable au fait que ces deux populations coexistent avec le produit de leur croisement dans la même zone agro-écologique notamment le Ferlo et sont soumis aux mêmes conditions et pratiques d'élevage (Ndiaye, 2019). Aussi, la demande du marché incite certains éleveurs de la race Peul-peul à introduire des géniteurs de race Touabire pour améliorer son format et l'aspect de sa robe comme décrit par Ndiaye et al. (2018).

La topologie révélée par l'arbre phylogénétique confirme les précédents résultats montrant ainsi deux principales lignées maternelles. La première, constituée par les populations Ladoum et Touabire et la seconde regroupant les individus de race Peul-peul. Ces regroupements seraient dus au fait que le Ladoum est une variété de Touabire. Toutefois avec les différences observées dans les pratiques d'élevage, des sous-clades commencent à se former témoignant de la différenciation et de la structuration entre les deux populations. Les sous-clades observés dans la lignée Peul-peul seraient la résultante d'une structuration au sein même de cette race en écotypes comme décrit par Ndiaye (2019) à partir de loci microsatellites. Aussi des introgressions ont été observées entre populations raciales au niveau des 2 clusters.

Conclusion

Cette étude a permis de constater la présence de deux lignées maternelles l'une formée par la population Peul-peul très diversifiée et l'autre constituée par les populations Ladoum et Touabire. Cependant, les pratiques d'élevage de plus en plus différentes auraient contribué au fait que les races locales ovines sahéliennes du Sénégal soient devenues distinctes les unes des autres. Le partage de zones d'exploitations et les croisements quant à eux pourraient favoriser le rapprochement entre populations. Ces changements dans les pratiques d'élevage pourraient occasionner la consanguinité dans des populations comme le Ladoum ou la dilution du pool génétique chez le Peul-peul. Conscient de cette situation, il est alors urgent de réduire l'isolement reproductif du Ladoum pour éviter l'accumulation de certaines mutations non avantageuses ou délétères. Ainsi, l'élaboration d'une stratégie nationale de conservation des races ovines au Sénégal est une nécessité.

CONFLIT D'INTERETS

Les auteurs déclarent qu'ils n'ont aucun conflit d'intérêts entre eux par rapport à cette étude.

CONTRIBUTIONS DES AUTEURS

NN a contribué à la collecte des données sur le terrain et la rédaction de la première version du manuscrit. BN a assuré la conduite des travaux sur le terrain et a contribué à la correction et à l'amélioration du manuscrit. MS a encadré et supervisé le travail.

REMERCIEMENTS

Nos remerciements vont à l'endroit des membres de l'Equipe Génétique et Gestion des Populations (GENGESPOP), de l'ensemble des éleveurs et vétérinaires qui ont participé à cette étude.

REFERENCES

- Agaviezor BO, Peters SO, Adefenwa MA, Yakubu A, Adebambo OA, Ozoje MO, Ikeobi CON, Wheto M, Ajayi OO, Amusan SA, Ekundayo OJ, Sanni TM, Okpeku M, Onasanya GO, De Donato M, Ilori BM, Kizilkaya K, Imumorin IG. 2012. Morphological and microsatellite DNA diversity of Nigerian indigenous sheep. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, **38**(3) : 16p. DOI:10.1186/2049-1891-3-38.
- ANSD. 2020. Situation Économique et Sociale du Sénégal Ed. 2017/2018 | *Agric*, 211-225.
- Delsuc F, Douzery E. 2004. Avenir et pertinence des méthodes d'analyse en phylogénie moléculaire. *Biosystema*, **22**: 59-74. <https://www.researchgate.net/publication/29644716>.
- Diack F, Traore EH, Thior YEH, Gueye C, Seck M, Sembene M. 2021. Etude de quelques caractéristiques morpho biométriques de la race ladoum du Sénégal. *Int. J. Adv. Res.*, **9**(06): 315-323. DOI: <http://dx.doi.org/10.21474/IJAR01/13017>.
- Diédhiou STD. 2012. Caractérisation génétique des races bovines locales du Sénégal: détermination de la pureté génétique. Mémoire de Master 2 en Biologie animale. Faculté des sciences et technique/UCAD. p. 29.

- Diouf MN, Ndiaye B, Diop M, Sembène M. 2021. Mouton Peul-peul : performances zootechniques dans les troupeaux ruraux du Ferlo. *J. Anm. & Pl. Sci.*, **50**(2): 9079-9092. DOI: <https://doi.org/10.35759/JAnmPlSci.v50-2.5>
- Excoffier L, Lisher HEL. 2010. Arlequin suite version 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol. Ecol. Reso.*, **10** : 564-567. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>.
- Fall AK, Dieng A, Ndiaye S. 2017. L'élevage des moutons de race Ladoum dans la commune de Thiès, Sénégal: caractéristiques socioéconomiques et techniques. p.12.
- Fall ST, Fall AS, Cissé I, Badiane A, Fall CA, Ba Diao M. 2001. Interactions horticulture-élevage : potentiel du système et contraintes in « cités horticoles en sursis ? L'agriculture urbaine dans les grandes Niayes au Sénégal ». CRDI : Ottawa(Canada). p. 132. <https://www.idrc.ca/sites/default/files/openebooks/265-1/index.html>.
- FAO. 2013. Caractérisation phénotypique des ressources génétiques animales. Directives FAO sur la production et la santé animales. Rome. p. 151.
- Huelsenbeck JP, Ronquist F. 2001. MRBAYES: Bayesian inference of phylogeny. *Bioinformatics*, **17**: 754-755. DOI : <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/17.8.754>.
- Kabore MB. 2019. Caractérisation génétique des races ovines au Sénégal à l'aide des marqueurs SNP. Mémoire de master en productions animales et développement durable. Ingénierie des Productions Animales (IPA). Ecole inter-états des sciences et médecine vétérinaires de Dakar (E.I.S.M.V) / UCAD. p. 45.
- Librado P, Rozas J. 2009. DnaSP version 5.10: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, **25** : 1451-1452. DOI: 10.1093/bioinformatics/btp187.
- MEPA. 2019. Rapport de revue annuelle du secteur de l'élevage. DIREL, Sénégal, p. 18.
- Ndiaye B, Diouf MN, Ciss M, Wane M, Diop M, Sembène M. 2019. Phenotypic characterization of Senegalese Peul-peul sheep. *Int. J. Adv. Res.*, **7**(2) : 1021-1027. DOI: <http://dx.doi.org/10.21474/IJAR01/8575>.
- Ndiaye B. 2019. Caractérisation phénotypique et génétique du mouton Peul-peul du Sénégal. Thèse de Doctorat en Génétique des populations (FST/UCAD). p. 174.
- Ndiaye B, Diouf MN, Ciss M, Wane M, Diop M, Sembène M. 2018. Morphologie et Pratiques d'élevage du mouton Peul-peul du Sénégal. *Int. J. Adv. Res.*, **6**(5) : 727-738. DOI:10.21474/IJAR01/7089.
- PNDE. 2016. Plan National de Développement de l'Élevage. Sénégal. p. 84.
- Sadio MC. 2010. Caractérisation génétique des races ovines Sahéliennes : Etude du Ladoum et du Touabire. Mémoire de Master II en Biologie animale. Faculté des sciences et technique/UCAD. p. 30.
- Sy D. 2020. Caractérisation génétique de deux races ovines au Sénégal : la race Ladoum et la race Touabire. Mémoire de master II en biologie animale, spécialité génétique des populations. Faculté des sciences et technique/UCAD. p. 53.
- Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipinski A, Kumar S. 2013. MEGA 6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Mol. Biol. Evol.*, **30** (12) : 2725-2729. DOI : 10.1093/molbev/mst197.
- Touré O, Seck SM. 2005. Exploitations familiales et entreprises agricoles dans la zone des Niayes au Sénégal. Dossier no 133. p. 60. www.iiied.org/drylands/pubs/issuepapers.html.