



Étude moléculaire de la diversité génétique des populations de lapin domestique (*Oryctolagus cuniculus*) au Burkina Faso à l'aide de marqueurs microsatellites

Bakari TRAORÉ¹, Guiguigbaza-Kossigan DAYO^{2*}, Martin Bienvenu SOMDA^{1,2},
Ollo Chérubin HIEN³ et Adrien Marie Gaston BELEM¹

¹Institut du Développement Rural de l'Université Nazi BONI (IDR/UNB), Burkina Faso

²Centre International de Recherche-Développement sur l'Élevage en zone Subhumide (CIRDES), Burkina Faso

³Institut de l'Environnement et de Recherches Agricoles du Centre National de Recherche Scientifique et de la Technologie (INERA/CNRST), Burkina Faso

*Auteur correspondant : e-mail: gk.dayo@cirdes.org; Tél. : +226 70 85 56 49

Received: 01-08-2024

Accepted: 29-11-2024

Published: 31-12-2024

RESUME

La gestion durable de la diversité génétique dans les élevages se fonde sur les variabilités inter et intra-populations, qui peuvent être évaluées par les caractérisations morpho-biométriques, zootechniques et moléculaires. L'étude sur la diversité génétique des races indigènes permettra de conserver et d'améliorer durablement ces races. Le présent travail avait pour objectif d'étudier les variabilités génétiques inter et intra-populations des lapins au Burkina Faso par l'analyse du polymorphisme de dix marqueurs microsatellites. Elle a été conduite dans les quatre zones agroécologiques, dans sept régions du Burkina Faso et a couvert huit villes. Globalement, le sang total a été prélevé chez 91 lapins des deux sexes (mâle et femelle) au niveau de la veine auriculaire médiane. Ces lapins ont été échantillonnés selon leur apparentement et leur origine donnés par le propriétaire. Le génotypage a été réalisé à l'aide de dix (n=10) marqueurs microsatellites (Lsa1, Sat2, Sat3, Sat4, Sat5, Sat7, Sat8, Sat12, Sat13, Sat16) du lapin sur un séquenceur automatique DNA Analyzer 4300 (LICOR) au CIRDES à Bobo-Dioulasso (Burkina Faso). Au total, 47 allèles différents ont été identifiés dans la population de lapins échantillonnés sur l'ensemble des zones agroécologiques (sous-populations) pour les 10 marqueurs microsatellites utilisés. Les valeurs moyennes des hétérozygoties attendues H_e par marqueur sur l'ensemble de la population variaient de 0,17 pour le locus Lsa1 à 0,70 pour les locus Sat12 alors que celles de hétérozygoties observées H_o variaient de 0,09 pour le locus Sat4 à 0,52 pour le locus Sol08. De plus, l'analyse de la structuration génétique montre l'existence de trois sous-populations. Dans toutes ces sous-populations, les valeurs de F_{is} étaient significativement élevées, avec une valeur globale de 0,373 pour l'ensemble des loci et des sous-populations. Ces résultats indiquent de forts déficits en hétérozygotes tant au niveau des sous-populations de lapins qu'au niveau de la population totale.

© 2024 International Formulae Group. All rights reserved.

Mots clés : diversité génétique, variabilités inter et intra-populations, polymorphisme, microsatellites, populations de lapin, Burkina Faso.

Molecular study of the genetic diversity of domestic rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) populations in Burkina Faso using microsatellite markers

ABSTRACT

The sustainable management of genetic diversity in livestock breeding relies on both inter- and intra-population variability, which can be assessed through morpho-biometric, zootechnical, and molecular characterizations. Studying the genetic diversity of indigenous breeds aims to sustainably conserve and improve these breeds. This study focused on investigating the inter- and intra-population genetic variabilities of rabbits in Burkina Faso through the analysis of polymorphism in ten microsatellite markers. The research was conducted across four agro-ecological zones and seven regions of Burkina Faso, encompassing eight cities. A total of 91 rabbits (both male and female) were sampled from the median auricular vein, selected based on kinship and owner-provided origin information. Genotyping was performed using ten microsatellite markers (Lsa1, Sat2, Sat3, Sat4, Sat5, Sat7, Sat8, Sat12, Sat13, Sat16) on a DNA Analyzer 4300 (LICOR) at CIRDES in Bobo-Dioulasso, Burkina Faso. Across all sampled populations (sub-populations), 47 different alleles were identified for the ten microsatellite markers used. The average values of expected heterozygosity (H_e) per marker varied from 0.17 for locus Lsa1 to 0.70 for locus Sat12, while observed heterozygosity (H_o) ranged from 0.09 for locus Sat4 to 0.52 for locus Sol08. Furthermore, genetic structure analysis revealed the existence of three sub-populations. In all sub-populations, F_{IS} values were significantly high, with an overall value of 0.373 across all loci and sub-populations. These results indicate pronounced deficits in heterozygosity across both rabbit sub-populations and the total population.

© 2024 International Formulae Group. All rights reserved.

Keywords: genetic diversity, inter and intra-population variabilities, polymorphism, microsatellites, rabbit populations, Burkina Faso.

INTRODUCTION

Les ressources génétiques animales (RGA) dans le monde constituent un patrimoine mondial et représentent un des éléments les plus précieux et les plus stratégiques pour un développement durable des pays. Elles représentent une ressource vitale pour l'amélioration génétique et jouent des rôles essentiels dans la croissance économique, alimentaire, et dans les domaines environnemental et socioculturel. La gestion durable de cette diversité génétique dans les élevages se fonde sur les variabilités inter et intra-populations qui peuvent être évaluées aussi bien par les caractérisations génétiques, zootechniques, morphobiométriques et moléculaires (FAO, 2011; FAO, 2013). Suite aux sélections et aux différents croisements, les risques de diminution de la biodiversité des RGA ont été accentués dans toutes les espèces animales et constituent une préoccupation à l'échelle mondiale.

Chez les lapins du Burkina Faso, entre 1983 et 1987, dans le cadre du «Projet Lapin», des essais d'amélioration des populations locales par l'introduction des races exotiques et des études sur les paramètres zootechniques des lapins ont été conduits à l'Ouest du Burkina Faso. Ce projet a permis la création d'une population métisse dénommée « race bobo » et la description de ses paramètres zootechniques (Ouattara, 1989; Sanou, 1990). Ces dernières années, des études se sont intéressées à l'identification et aux caractérisations phénotypique et génétique du cheptel cunicole ainsi qu'aux pratiques de son élevage. Ces types d'étude sont indispensables et constituent la base à tout projet de sélection et d'amélioration des performances cunicoles. C'est ainsi que, Traoré et al. (2019), Ouédraogo et al. (2021) et Tiendrébogo et al. (2022) ont conduit des travaux sur les pratiques de l'élevage du lapin au Burkina Faso respectivement à l'échelle nationale, dans les

communes de Ouagadougou et de Bobo-Dioulasso. Tous ces travaux ont montré qu'il s'agissait d'une cuniculture traditionnelle conduite de façon extensive avec une main d'œuvre essentiellement familiale. Les travaux de Ouédraogo et al. (2021) ont rapporté l'introduction de manière parallèle par les producteurs de plusieurs races de lapins. Ces auteurs citent des souches hybrides et de nombreuses variations de races, et les plus dominantes sont les produits issus de croisements inter et intra-souches. Ces croisements bien contrôlés peuvent améliorer certaines performances zootechniques des lapins (Soro et al., 2022). Selon Traoré et al. (2018) et Traoré et al. (2019), les races les plus exploitées sont de plusieurs coloris et classées dans la catégorie de petites races. Par ailleurs, la qualité de l'aliment servi semble être important dans la cuniculture. C'est ainsi que des travaux avaient montré qu'une bonne complémentation alimentaire améliore la qualité nutritionnelle de la viande de lapin (Tougan et al., 2019 ; Thiam et al., 2021) et même leur santé digestive (Kimsé et al., 2013). Les crottes de lapin pourraient également servir à l'aquaculture dans un système d'agriculture intégré (Adande et al., 2017).

Toutefois, une caractérisation moléculaire s'avère nécessaire pour mieux appréhender la diversité génétique de ces races existantes et leur répartition pour leur éventuelle conservation et amélioration. L'utilisation de marqueurs moléculaires permet une meilleure analyse de la diversité génétique, inter et intra-populations (variabilité génétique entre populations, relations phylogénétiques, identification des individus, contrôle de filiation). La présente étude avait pour but d'étudier les variabilités génétiques intra et inter-populations des lapins au Burkina Faso par l'analyse du polymorphisme génétique de dix marqueurs microsatellites afin de formuler des recommandations pour une gestion rationnelle de ces diversités.

MATERIEL ET METHODES

Zone d'étude

L'étude a été conduite dans les quatre zones agroécologiques et sept régions du Burkina Faso (Figure 1). Les caractéristiques de ces zones sont les suivantes (Dembélé et Somé, 1991 ; Kagoné, 2001) : la zone Nord-Sahélienne qui représente 13,4% du territoire national. Ses caractéristiques sont : pluviométrie moyenne, 400 mm d'une durée de 3 mois, température comprise entre 15 et 45°C, végétation composée de steppes arbustives à épineux. Dans cette zone les données ont été collectées dans la ville de Dori (province du Séno, région du Sahel) ; la zone Sud-Sahélienne, 15,3% du territoire national. Sa pluviométrie annuelle est comprise entre 400 mm et 700 mm avec une durée de 3 à 5 mois, sa température moyenne de 28,4°C avec une végétation composée de steppes arbustives à Combretacées et Poacées annuelles. Dans cette zone les données ont été collectées dans la ville de Ouahigouya (province du Yatenga, région du Nord) ; la zone Nord-Soudanienne qui couvre 38,9% du territoire national. La pluviométrie moyenne annuelle est comprise entre 700 mm et 900 mm, avec des températures moyennes comprises entre 22,7°C et 35,4°C. La végétation est caractérisée par une savane arborée et arbustive à forte densité de populations humaine et animale. Dans cette zone les données ont été collectées dans la ville de Ouagadougou (province du Kadiogo, région du Centre), Fada N'Gourma (province de Gourma, région de l'Est), Koudougou (province de Boulkiemdé, région du Centre-Ouest) ; et la zone Sud-Soudanienne qui s'étend sur 32,4% du territoire national. Elle a une pluviométrie annuelle située entre 900 mm et 1 200 mm et une température moyenne de 27°C. La végétation composée de savanes arborées, arbustives et boisées, et de forêts claires. Dans cette zone les données ont été collectées dans les villes de Bobo-Dioulasso (province de Houet, région des Hauts-Bassins), Orodara (province du Kéné Dougou, région des Hauts-

Bassins) et Banfora (province de la Comoé, région des Cascades).

Matériel

Matériel biologique et échantillonnage

Lors de l'inventaire des cuniculteurs éligibles pour l'étude, la technique d'échantillonnage a été basée sur la méthode en boule de neige à partir des données statistiques des structures techniques ainsi que des cuniculteurs des différentes zones agroécologiques du Burkina Faso. Le choix des éleveurs retenus après cet inventaire a été établie de manière aléatoire. Quant au choix de l'animal retenu pour le prélèvement de sang, il a été fait selon l'apparement et son origine fondés sur les déclarations du cuniculteur afin d'inclure dans l'étude les animaux les moins apparentés possibles. Au total, 91 lapins des deux sexes (mâle et femelle) ont été échantillonnés pour l'étude dans les quatre zones agroécologiques du Burkina Faso (Tableau 1).

Méthodes

Génotypage des individus à l'aide de marqueurs microsatellites

Le sang total d'environ 2 ml, a été prélevé au niveau de la veine auriculaire médiane de chaque lapin avec une seringue puis transféré dans des tubes contenant un anticoagulant (EDTA). L'extraction de l'ADN a été effectuée en utilisant le kit commercial PROMEGA, ensuite les ADN ont été conservés jusqu'à leur amplification par la PCR (polymerase chain reaction) et la réalisation des génotypes.

Dix loci microsatellites (Lsa1, Sat2, Sat3, Sat4, Sat5, Sat7, Sat8, Sat12, Sat13, Sat16) (Tableau 2), couramment employés dans les études génétiques chez le lapin (Wu et al., 2010) ont été amplifiés par la technique de PCR couplée à l'utilisation d'un fluorochrome (DYE IR700) et d'un séquenceur automatique DNA Analyzer 4300 (LICOR) à un voltage de 1500 volts pendant 1 heure 30 minutes. La lecture des profils d'électrophorèse et la détermination des tailles des allèles pour l'établissement des génotypes ont été réalisées

à l'aide du logiciel SAGA GENERATION 2.0. L'ensemble de ces analyses a été effectué au Laboratoire de Biologie Moléculaire du CIRDES à Bobo-Dioulasso (Burkina Faso).

Traitement et analyse des données

Les fréquences alléliques et les valeurs de la diversité génétique pour les 10 loci microsatellites étudiés ont été établies à l'aide du logiciel GENETIX version 4.05.2 (Belkhir et al., 2004). Les estimateurs des F-statistiques de Wright (F_{IS} , F_{ST} et F_{IT}) et la richesse allélique des loci par la méthode de rarefaction ont été calculés à l'aide du logiciel FSTAT version 2.3.4 (Goudet, 2003).

Pour assigner des individus à K populations cunicoles et estimer la distribution *a posteriori* du coefficient de mélange de chaque individu entre les différentes localités, nous avons utilisé le logiciel STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard et al., 2000), une méthode de classification basée sur un modèle qui utilise une chaîne de Markov de Monte Carlo. Comme les informations de génotypage pour les populations parentales supposées n'étaient pas disponibles, nous avons émis l'hypothèse de K populations inconnues de parents (K variant de 1 à 8 avec 10 runs répétés pour chaque K). L'analyse a été effectuée avec un burn-in de 50 000 suivie de 100 000 itérations de Monte-Carlo en chaîne de Markov pour chacun des K en utilisant des fréquences alléliques non corrélées entre les populations parentales et un modèle sans mélange.

Le « K » optimal a été identifié sur la base de ΔK , le taux de variation du deuxième ordre de $\ln P(D)$ à la suite de la procédure de vraisemblance d'Evanno et al. (2005) utilisant Structure Harvester (disponible à l'adresse <http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/>). Structure Harvester est un programme Web permettant de rassembler les résultats générés par le programme STRUCTURE afin d'identifier la meilleure valeur de K. Le programme offre un moyen rapide d'évaluer et de visualiser les valeurs de vraisemblance sur plusieurs valeurs de K et des centaines d'itérations pour faciliter la détection du nombre de groupes génétiques qui correspondent le mieux aux données.

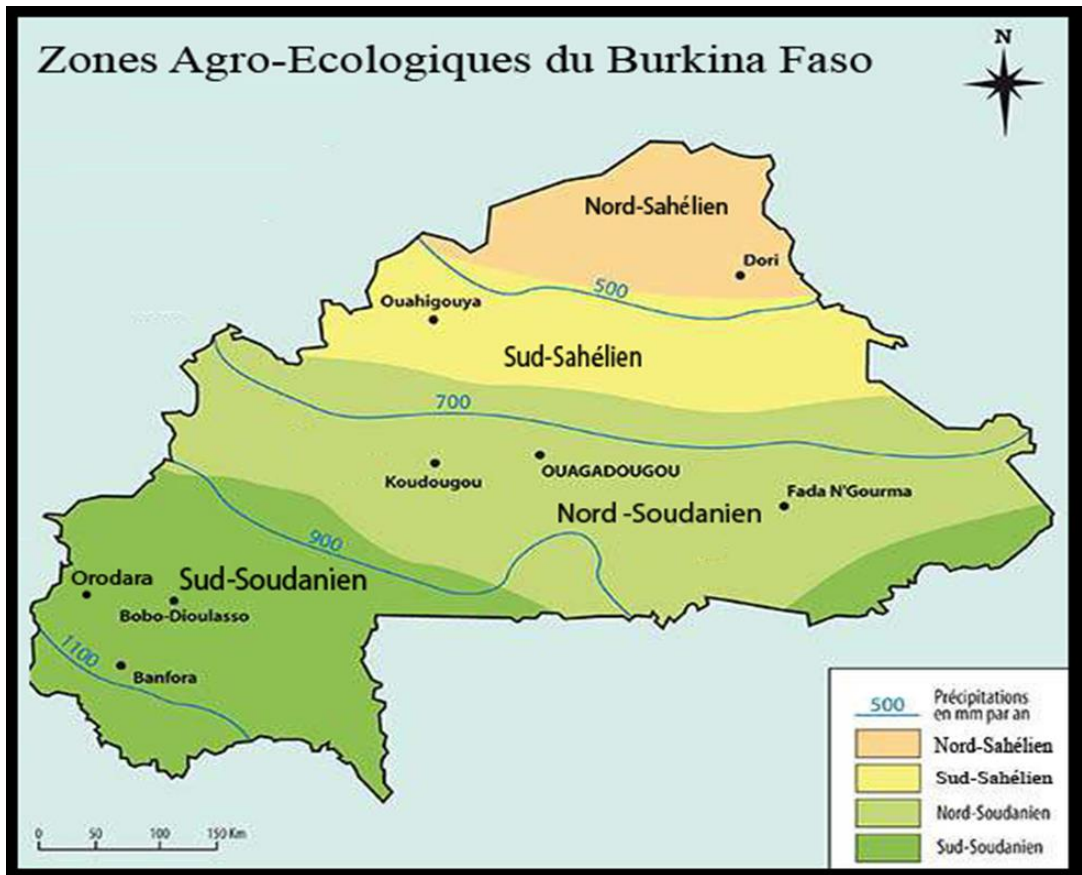


Figure 1: Localités de collecte de données.
 Source: adaptée de la carte de Dembélé et Somé (1991).

Tableau 1: Répartition des échantillons de sang par région et par zone agroécologique.

Zones agroécologiques	Régions	Ville (effectif des échantillons)	Total/Région
Nord-Sahélienne	Sahel	Dori (12)	12
Sud-Sahélienne	Nord	Ouahigouya (13)	13
Nord-Soudanienne	Est	Fada N'Gourma (5)	36
	Centre-Ouest	Koudougou (9)	
	Centre	Ouagadougou (22)	
Sud-Soudanienne	Cascades	Banfora (15)	30
	Hauts-Bassins	Bobo-Dioulasso (15)	
Total de l'étude			91

Tableau 2: Caractéristiques des locus microsatellites utilisés.

Locus	Numéro Accession Genbank	Séquences (5' - 3')	Taille attendue (pb)	Références
Lsa1F		CCTTGCAGGTTTTTCAGCCTC	150-174	Kriger et al. (2002)
Lsa1R		GCTGTAGAAAATGAGAGGGAC		
Sat12F		CTTGAGTTTTTAAATTCGGGC	106-138	Mougel et al. (1997)
Sat12R		GTTTGGATGCTATCTCAGTCC		
Sat13F		CAGTTTTGAAGGACACCTGC	110-130	Mougel et al. (1997)
Sat13R		GCCTCTACCTTTGTGGGG		
Sat5F		GCTTCTGGCTTCAACCTGAC	174-234	Mougel et al. (1997)
Sat5R		CTTAGGGTGCAGAATTATAAGAG		
Sol33F	X94683	GAAGGCTCTGAGATCTAGAT	185-225	Surridge et al. (1997)
Sol33R		GGGCCAATAGGTACTGATCCATGT		
Sol08F		GGATTGGGCCCTTTGCTCACACTTG	100-130	Rico et al. (1994)
Sol08R		ATCGCAGCCATATCTGAGAGAACTC		
Sat2F		GCTCTCCTTTGGCATACTCC	241-253	Mougel et al. (1997)
Sat2R		GCTTTGGATAGGCCAGATC		
Sat4F		GGCCAGTGTCTTACATTTGG	195-240	Mougel et al. (1997)]
Sat4R		TGTTGCAGCGAATTGGGG		
Sat16		AATCAGCCTCTATGAATTCCC	109-115	Mougel et al. (1997)
Sat16		AATGCTACATGGTAACCAGGC		
Sat3F		GGAGAGTGAATCAGTGGGTG	146-162	Mougel et al. (1997)
Sat3R		GAGGGAAAGAGAGACAGG		

Légende: pb : paire de base

RESULTATS

Variabilité intra-population

Taux de polymorphisme

Au total, 47 allèles différents ont été identifiés dans la population de lapins échantillonnée sur l'ensemble des 4 zones agroécologiques (sous-populations) pour les 10 marqueurs microsatellites utilisés (Figure 2). Tous les marqueurs microsatellites ont été polymorphes, se caractérisant par un nombre total d'allèles par locus variant de 3 (Sat 16) à 6 (Sat 3, Sat 12 et Sol 08).

Le Tableau 3 présente le nombre d'allèles par locus et par zone agroécologique, le nombre moyen d'allèles par locus sur l'ensemble des zones agroécologiques, la richesse allélique par locus et par zone agroécologique calculée par la méthode de rarefaction ainsi que sa valeur moyenne par locus sur l'ensemble des villes d'échantillonnage.

Le nombre moyen d'allèles par locus (A) sur l'ensemble des zones agroécologiques variaient de $2,25 \pm 1,09$ pour le locus Sat5 à $5,0 \pm 0,71$ pour le marqueur Sat12.

Taux d'hétérozygotie

Les valeurs moyennes des hétérozygoties attendues *He* sous l'équilibre de Hardy-Weinberg et observées *Ho* sont présentées dans le Tableau 3. Les valeurs moyennes de *He* variaient de 0,42 (zone Sud-Sahélienne) à 0,60 (zone Sud-Soudanienne) tandis que celles de *Ho* ont varié de 0,24 (zone Sud-Sahélienne) à 0,36 (zone Sud-Soudanienne).

Les valeurs moyennes de *He* par locus sur l'ensemble de la population variaient de 0,17 pour le locus Lsa1 à 0,70 pour les locus Sat12 alors que celles de *Ho* ont varié de 0,09 pour le locus Sat4 à 0,52 pour le locus Sol08. L'ensemble des résultats est présenté dans le Tableau 3.

Valeurs de la fréquence intra-spécifique F_{IS}

Les valeurs du F_{IS} calculées sur l'ensemble des loci dans les différentes sous-populations (zones agroécologiques) sont significativement supérieures à zéro pour l'ensemble des sous-populations (Tableau 4). Ces valeurs du F_{IS} sont comprises entre 0,394 (zone Sud-Soudanienne) et 0,523 (zone Nord-Sahélienne).

Dans toutes les sous-populations, les valeurs de F_{IS} sont significativement élevées. En supprimant les loci Sat4, Sat5 et Sat13 qui présentent les fortes valeurs de F_{IS} , on note toujours un déficit significatif en hétérozygotes. Les valeurs de F_{IS} obtenues sur l'ensemble des 7 loci restants étaient de 0,403 ; 0,422 ; 0,351 et 0,325 respectivement pour les zones Nord-Sahélienne, Sud-Sahélienne, Nord-Soudanienne et Sud-Soudanienne. Sur l'ensemble des loci et l'ensemble des sous-populations, la valeur du F_{IS} est de 0,373 (Tableau 5).

Variabilité génétique inter-populations

Degré de différenciation génétique F_{ST} et distances génétiques entre paires de sous-populations

Les valeurs du F_{ST} et celles des distances génétiques entre les paires de sous-populations sont présentées dans le Tableau 6.

Etude de la structuration des populations

Analyse factorielle des correspondances (AFC)

L'analyse factorielle des correspondances (AFC) a montré que la contribution totale des trois premiers axes factoriels à l'inertie totale était de 100%, ce qui signifie que les trois axes rendent compte totalement de la dispersion du nuage des points (Figure 3).

Sur la base des deux premiers axes factoriels, quatre groupes ont été distingués. L'axe factoriel 1 sépare la majorité des lapins de la zone Sud-Soudanienne et une partie des lapins de la zone Nord-Soudanienne d'une part et la majorité des lapins de la zone Sud-Soudanienne, et les lapins des zones Nord-Sahélienne et Sud-Sahélienne d'autres part. L'axe 2 isole les lapins de la zone Nord-Sahélienne de ceux de la zone Sud-Sahélienne.

Structuration génétique des populations par la méthode bayésienne

Cette méthode a permis de regrouper les différentes populations en K catégories. La valeur de K la plus vraisemblable qui permet de regrouper les sous-populations étudiées est 3 (Figures 4 et 5). La sous-population de la zone Nord Soudanienne (régions du Centre, Centre-Ouest et Est) a été la plus hétérogène.

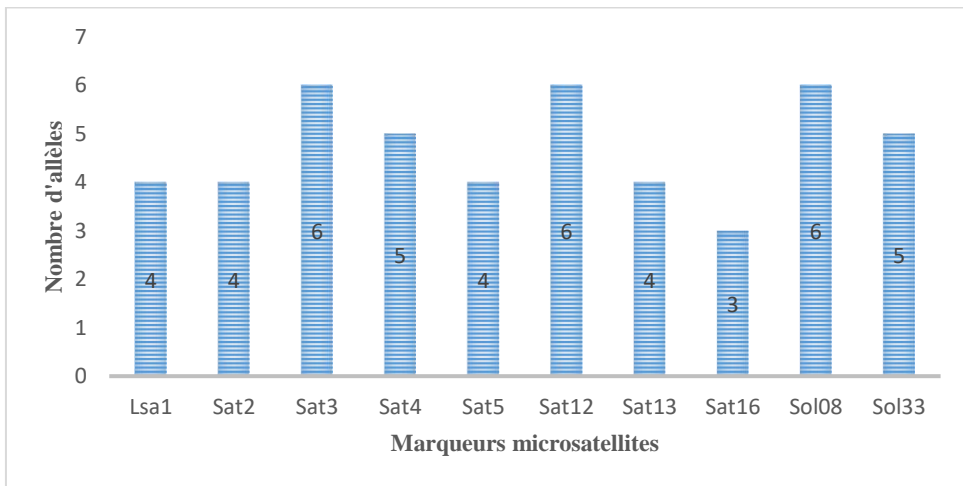


Figure 2: Nombre d'allèles par locus sur l'ensemble de la population.

Tableau 3: Nombre d'individus génotypés (*N*), Nombre d'allèles (*A*), richesse allélique (*RA*), les valeurs d'hétérozygotie attendue (*He*) et hétérozygotie observée (*Ho*) des différents locus par sous-population et sur l'ensemble de la population.

Zones agroécologiques / Locus	Nord-Sahélienne	Sud-Sahélienne	Nord-Soudanienne	Sud-Soudanienne	Population totale	moyenne ± Ecart-type
Lsa1						
<i>N</i>	10	13	31	33		
<i>A</i>	2	2	3	3	4	2,5 ± 0,5
<i>RA</i>	2,00	1,77	2,46	2,20	2,46	2,11 ± 0,25
<i>He</i>	0,19	0,08	0,23	0,20		0,17 ± 0,06
<i>Ho</i>	0,20	0,08	0,23	0,15		0,16 ± 0,06
Sat2						
<i>N</i>	12	13	29	31		
<i>A</i>	3	4	4	4	4	3,75 ± 0,43
<i>RA</i>	3,00	3,77	3,78	3,66	3,64	3,55 ± 0,32
<i>He</i>	0,65	0,54	0,65	0,65		0,62 ± 0,05
<i>Ho</i>	0,50	0,38	0,48	0,45		0,45 ± 0,04
Sat3						
<i>N</i>	12	13	32	34		
<i>A</i>	5	4	4	5	6	4,5 ± 0,50
<i>RA</i>	4,81	3,77	3,86	4,00	4,21	4,11 ± 0,41
<i>He</i>	0,67	0,61	0,60	0,61		0,62 ± 0,03
<i>Ho</i>	0,50	0,46	0,50	0,53		0,5 ± 0,02
Sat4						
<i>N</i>	12	13	32	32		
<i>A</i>	2	2	5	5	5	3,50 ± 1,50
<i>RA</i>	2,00	2,00	3,78	4,53	3,99	3,08 ± 1,11
<i>He</i>	0,52	0,27	0,60	0,73		0,53 ± 0,17
<i>Ho</i>	0,00	0,00	0,25	0,13		0,09 ± 0,10
Sat5						
<i>N</i>	12	13	32	33		
<i>A</i>	2	1	2	4	4	2,25 ± 1,09
<i>RA</i>	2,00	1,00	1,94	2,59	2,38	1,88 ± 0,57
<i>He</i>	0,49	0,00	0,20	0,20		0,22 ± 0,17
<i>Ho</i>	0,25	0,00	0,16	0,21		0,15 ± 0,10
Sat12						
<i>N</i>	12	13	32	34		
<i>A</i>	5	4	5	6	6	5,00 ± 0,71
<i>RA</i>	4,667	3,945	4,791	5,038	4,872	4,61 ± 0,41
<i>He</i>	0,7138	0,5508	0,7574	0,7858		0,70 ± 0,09
<i>Ho</i>	0,25	0,2308	0,375	0,2941		0,29 ± 0,06
Sat13						

<i>N</i>	12	13	32	29		
<i>A</i>	2	2	4	4	4	3,00 ± 1,00
<i>RA</i>	2,00	2,00	3,68	3,98	3,77	2,91 ± 0,92
<i>He</i>	0,51	0,37	0,50	0,73		0,53 ± 0,13
<i>Ho</i>	0,00	0,31	0,19	0,38		0,22 ± 0,14
Sat16						
<i>N</i>	12	13	31	34		
<i>A</i>	3	3	3	3	3	3,00 ± 0,00
<i>RA</i>	3,00	2,95	3,00	2,97	2,99	2,98 ± 0,02 0,59 ± 0,09
<i>He</i>	0,68	0,44	0,63	0,60		
<i>Ho</i>	0,17	0,08	0,13	0,24		0,15 ± 0,06
Sol08						
<i>N</i>	10	13	25	19		
<i>A</i>	3	4	4	4	6	3,75 ± 0,43
<i>RA</i>	3,00	3,77	3,33	3,53	3,43	3,41 ± 0,28
<i>He</i>	0,59	0,61	0,59	0,68		0,62 ± 0,04
<i>Ho</i>	0,30	0,62	0,44	0,74		0,52 ± 0,17
Sol33						
<i>N</i>	12	13	30	30		
<i>A</i>	3	4	3	5	5	3,75 ± 0,83
<i>RA</i>	3,00	3,95	3,00	4,91	4,64	3,71 ± 0,79
<i>He</i>	0,62	0,70	0,67	0,79		0,69 ± 0,06
<i>Ho</i>	0,58	0,23	0,53	0,53		0,47 ± 0,14
Sur l'ensemble des loci						
<i>Nmoyen</i>	11,6	13	30,6	30,9		
<i>Amoyen</i>	3	3	3,7	4,3		
<i>RA moyen</i>	2,95	2,89	3,36	3,74		
<i>He_moyenne ± Ecar t-type)</i>	0,56 ± 0,15	0,42 ± 0,24	0,54 ± 0,18	0,60 ± 0,22		
<i>Ho_moyenne ± Ecar t-type)</i>	0,28 ± 0,20	0,24 ± 0,21	0,33 ± 0,15	0,36 ± 0,20		

Légende: *N* : Nombre d'individus génotypés ; *A* : Nombre d'allèles comptés ; *RA* : richesse allélique estimée par la méthode de raréfaction ; *He* : valeurs d'hétérozygotie attendue ; *Ho* : valeur d'hétérozygotie observée.

Tableau 4: Valeurs des F_{IS} par locus et par sous-population.

Zones agroécologiques /				
Locus	Nord-Sahélienne	Sud-Sahélienne	Nord-Soudanienne	Sud-Soudanienne
Lsa1	-0,059	0	0,039	0,227
Sat2	0,241	0,302	0,255	0,311
Sat3	0,258	0,254	0,165	0,13
Sat4	1	1	0,585	0,831

Sat5	0,5	-	0,213	-0,067
Sat12	0,66	0,591	0,509	0,629
Sat13	1	0,172	0,627	0,485
Sat16	0,763	0,831	0,797	0,613
Sol08	0,505	-0,005	0,252	-0,079
Sol33	0,061	0,679	0,202	0,331
Sur l'ensemble des sous-populations	0,523***	0,439***	0,397***	0,394***

Légende: F_{IS} : indice de fixation (estimateurs des F-statistiques de Wright).

Tableau 5: Valeurs des estimateurs d'hétérozygoties selon Nei.

Nom des loci	H_o	H_s	H_t	H_t'	F_{ST}	F_{ST}'	F_{IS}
Lsa1	0,164	0,175	0,175	0,175	0	0	0,065
Sat2	0,455	0,629	0,685	0,704	0,082	0,107	0,277
Sat3	0,498	0,624	0,616	0,613	-0,013	-0,018	0,203
Sat12	0,287	0,715	0,76	0,775	0,059	0,077	0,598
Sat16	0,152	0,6	0,605	0,607	0,009	0,011	0,747
Sol08	0,523	0,621	0,614	0,611	-0,012	-0,016	0,158
Sol33	0,47	0,702	0,738	0,75	0,049	0,064	0,33
Sur l'ensemble des sous-populations	0,364	0,581	0,599	0,605	0,03	0,04	0,373

Légende: H_o : hétérozygotie observée ; H_s : hétérozygotie théorique dans une sous-population panmictique ; H_t : hétérozygotie théorique dans la population totale en panmixie ; H_t' : hétérozygotie théorique corrigée dans la population totale en panmixie ; F_{ST} : indice de différenciation; F_{ST}' : indice de différenciation corrigé; F_{IS} : indice de fixation.

Tableau 6 : Valeurs des F_{ST} (en haut de la diagonale en gras) et des distances génétiques selon Nei (1978) (en bas de la diagonale et en italique) par paires de sous-populations.

Zones agroécologiques	Nord-Sahélienne	Sud-Sahélienne	Nord-Soudanienne	Sud-Soudanienne
Nord-Sahélienne	<u>0</u>	0,358	0,0326	0,0171
Sud-Sahélienne	<i>0,064</i>	<u>0</u>	0,0686	0,0606
Nord-Soudanienne	<i>0,067</i>	<i>0,109</i>	<u>0</u>	0,0225
Sud-Soudanienne	<i>0,044</i>	<i>0,1</i>	<i>0,044</i>	<u>0</u>

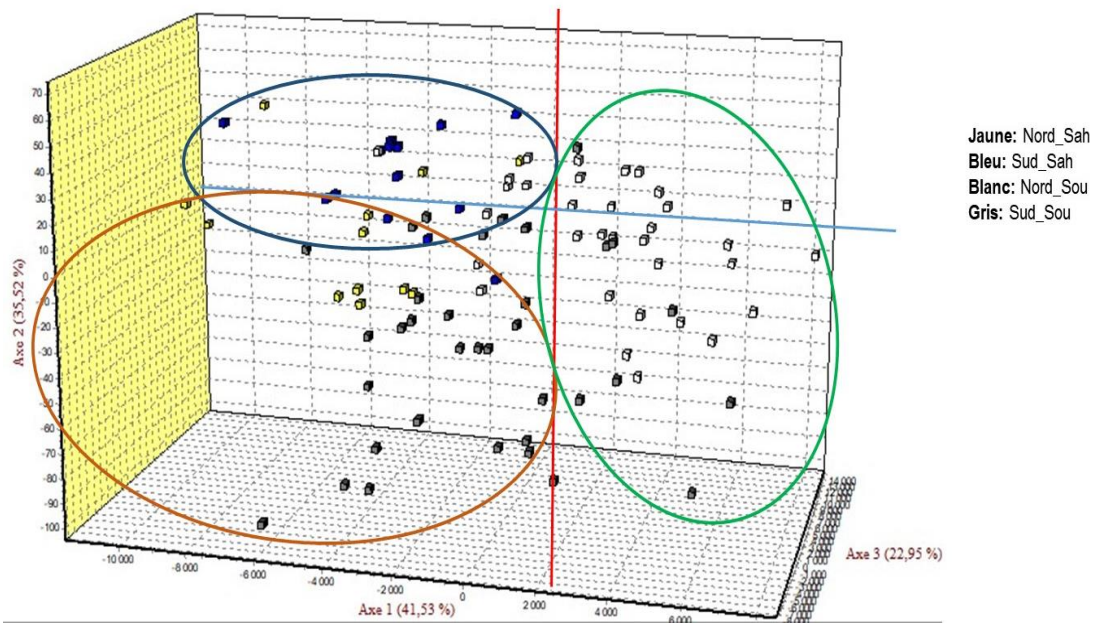


Figure 3 : Analyse factorielle des correspondances (AFC).
Légende: Sah : Sahélienne, Sou : Soudanaïenne.

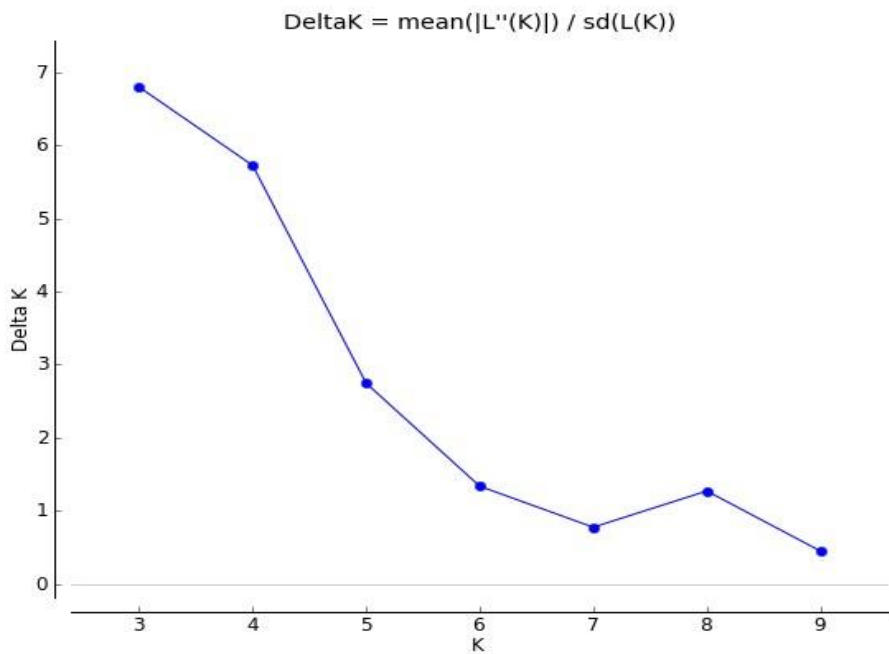


Figure 4: Variation des différentes valeurs de K (Fréquences alléliques non corrélées).

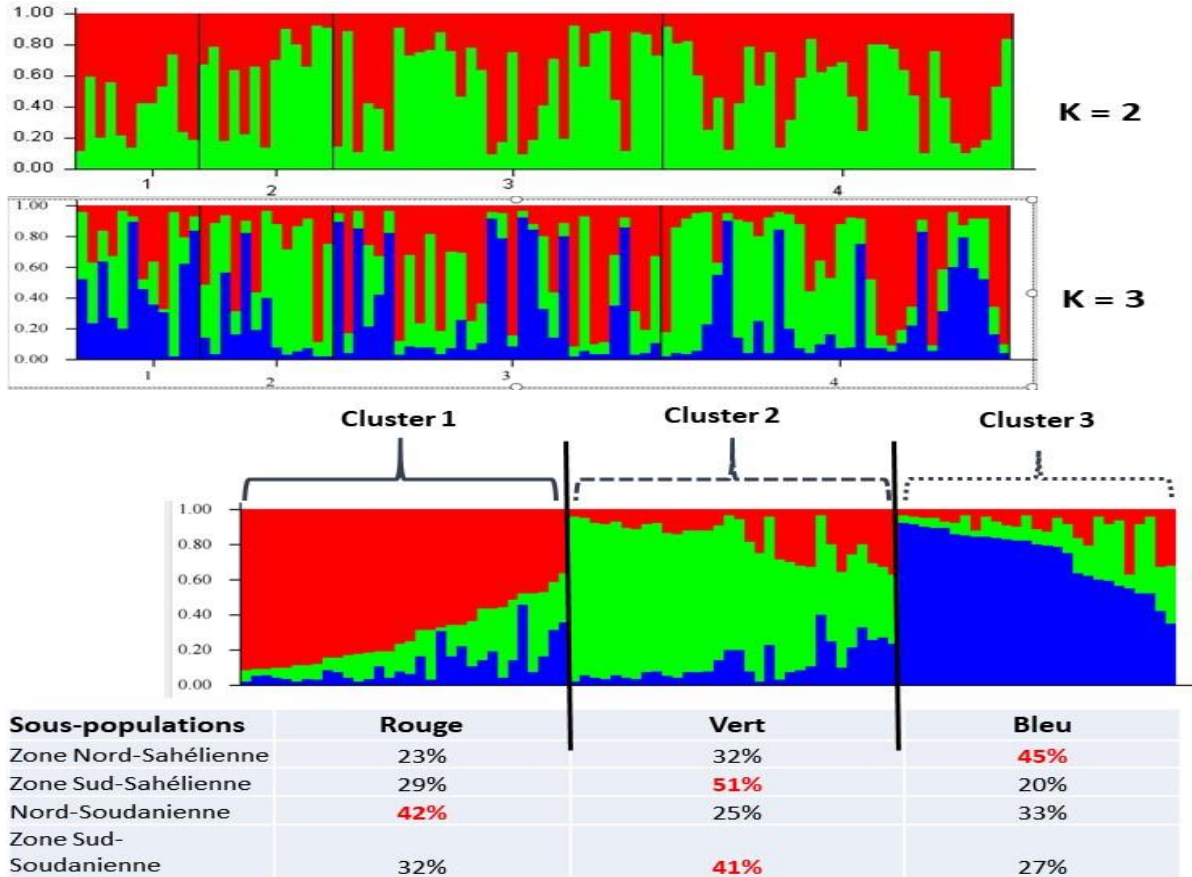


Figure 5: Variation des différentes valeurs de K (Fréquences alléliques non corrélées à K = 3).

DISCUSSION

La présente étude rapporte des résultats exploratoires de la diversité génétique des lapins élevés au Burkina Faso. Chez le lapin comme dans toutes les espèces domestiques, la génétique moléculaire est devenue un outil incontournable dans la gestion des populations, que ce soit à des fins d'amélioration génétique des souches/races sélectionnées ou de gestion des populations en conservation (Rogel-Gaillard et al., 2009). Pour que les cuniculteurs puissent bénéficier de leur activité de production, il est important de caractériser les populations locales qui existent, rechercher leurs aptitudes biologiques, zootechniques et d'adaptation au milieu, et envisager leur sélection et le meilleur système d'utilisation. Dans de nombreux pays africains où l'élevage du lapin domestique est récent, il n'existe pas

de populations locales bien définies ou caractérisées. Il s'agit de populations très hétérogènes, polymorphes issues d'une multitude de croisements réalisés lors de différents projets de développement et parfois sans ligne directrice à partir d'animaux de races pures importées. Ces populations ont souvent un potentiel limité et elles ne sont pas bien adaptées au milieu local. Le nombre moyen d'allèles par locus obtenu dans notre population (4,7 allèles) ainsi que le nombre minimal d'allèles dans la population totale de 3 (Sat 16) et le nombre maximal dans la population totale de 6 (Sat 3, Sat 12 et Sol 08) sont nettement inférieurs aux valeurs de 14,26 ; 9 et 27 respectivement pour le nombre moyen d'allèles par locus, le nombre minimal et le nombre maximal chez les lapins en Algérie (Boukabene, 2020). Par ailleurs, Surrige et al.

(1999) ont rapportés dans leurs travaux un fort polymorphisme chez les lapins sauvages européens avec un large éventail de 8 à 17 allèles. Les valeurs obtenues au Burkina Faso se rapprochent de celles rapportées par Xin-Sheng et al. (2008) dans la lignée Wan Angora lapins, avec un nombre moyen d'allèles par locus de 4,5 et de 3 à 6 allèles. Wu et al. (2010) utilisant 15 loci microsatellites ont trouvé que la diversité génétique entre sept populations de lapins chinois variait de 2,86 allèles pour le marqueur Sat8 à 9,92 allèles pour le marqueur Sat 4, et le nombre moyen d'allèles était de 6,63. Il a été rapporté que la race locale du Burkina Faso serait probablement issue des lapins d'Europe et d'Asie qui, après de profondes mutations, se serait adaptée au climat tropical (Ouattara, 1989). La race bobo est un métis issu de croisements entre les races importées par le « Projet Lapin » en 1980 (Néo-Zélandais, lignée synthétique Z, Géant, Blanc) pour leur aptitude à la croissance et la race locale pour sa rusticité (3/8 locale, 1/4 lignée Z, 1/8 Néo-zélandais, 1/4 Géant blanc).

Les valeurs de H_e variaient de 0,42 (zone Sud-Sahélienne) à 0,60 (zone Sud-Soudanienne) tandis que celles de H_o ont varié de 0,24 (zone Sud-Sahélienne) à 0,36 (zone Sud-Soudanienne). Les valeurs moyennes de H_e par marqueur sur l'ensemble de la population ont varié de 0,17 pour le locus Lsa1 à 0,70 pour les loci Sat12 alors que celles de H_o variaient de 0,09 pour le locus Sat4 à 0,52 pour le locus Sol08. Ces résultats indiquent de forts déficits en hétérozygotes tant au niveau des sous-populations (zones agroécologiques) qu'au niveau de la population totale. En effet, au Burkina Faso, on note une absence totale de castration (100%) et une faible séparation des sexes dans les unités d'élevage. Par ailleurs, certains producteurs ne savent pas faire la différence entre lapin mâle et femelle avant leur maturité sexuelle (Traoré et al., 2018), ce qui pourrait favoriser la consanguinité dans les élevages qui se traduit par des déficits en hétérozygotes et des valeurs de F_{IS} élevées. Les unions par un appariement consanguin des géniteurs sont très fréquentes dans les élevages non structurés (traditionnels). L'existence d'un tel déficit en hétérozygotes peut aussi être

expliquée par d'autres facteurs. Il est possible que le mode d'union des reproducteurs ne soit pas panmictique : unions entre apparentés, sélection des reproducteurs se fait selon un mode de reproduction homogame (reproduction préférentielle entre individus semblables phénotypiquement). Ce mode de reproduction peut se faire lorsqu'il y a plus d'un mâle dans le groupe ou bien être orienté par l'éleveur. De plus, il faut noter que l'élevage du lapin de chair s'effectue en cage. Les femelles reproductrices sont amenées dans la cage des mâles reproducteurs préalablement choisis pour l'accouplement. Le déficit en hétérozygotes dans la présente étude pourrait aussi être lié à l'existence de structuration dans les sous-populations représentant les zones agroécologiques puisque pour être représentatif, l'échantillonnage dans chaque zone a été fait sur différentes villes : c'est l'effet Wahlund. Enfin, l'excès d'homozygotes peut être dû à l'existence des allèles nuls (allèles ne donnant lieu à aucune amplification par PCR) au niveau de certains loci. Ainsi, une mutation dans les séquences flanquantes du microsatellite pourrait empêcher la Taq polymérase d'amplifier l'ADN entraînant la présence d'allèles nuls.

Les résultats montrent trois regroupements (clusters) avec le cluster 1 dominé par la zone Nord-Soudanienne, le cluster 2 (zone Sud-Sahélienne et Sud-Soudanienne) et le cluster 3 avec la zone Nord-Sahélienne (Figures 4 et 5). Il est à noter que le cluster 2 contient les grandes villes de Ouagadougou (la capitale politique) et Bobo-Dioulasso (la capitale économique) qui sont caractérisées par des élevages urbains utilisant des espèces animales comme le lapin. Ces deux villes partageraient des individus plus fréquemment qu'avec les autres régions. Il est important de noter qu'au Burkina Faso, les effectifs les plus importants de lapins se rencontraient dans les provinces les plus urbanisées du pays, soit 17,4% pour le Kadiogo et 17,2% pour le Houet (MRA, 2004). Les différences observées entre notre étude et les autres rapportées dans cette discussion pourraient globalement être expliquées par les populations de lapin étudiées mais aussi la

structure génétique de ces populations. Notre étude a porté sur une race locale du Burkina Faso qui a fait l'objet de métissage « Projet Lapin » en 1980 (Néo-Zélandais, lignée synthétique Z, Géant, Blanc) pour leur aptitude à la croissance et la race locale pour sa rusticité (3/8 locale, 1/4 lignée Z, 1/8 Néo-zélandais, 1/4 Géant blanc), ce qui a abouti à la création de lapins intermédiaires qui sont mieux adaptés aux conditions locales et assez performants. Ils ont été baptisés « race bobo » en 1987. Des produits de ces métissages ont pu être diffusés dans les autres régions du pays.

Conclusion

La gestion durable de la diversité génétique des animaux d'élevage dans le monde représente un élément essentiel des systèmes de production agricole. Au Burkina Faso, le risque de diminution de la biodiversité des RGA autochtones est une réalité préoccupante. Le lapin n'échappe pas à la règle. De ce fait, le besoin de l'identification et de la caractérisation génétique des lapins élevés au Burkina Faso revêt une nécessité. L'utilisation de la biologie moléculaire est donc indispensable pour une meilleure analyse de cette diversité génétique. La présente étude a montré l'existence de trois sous-populations cunicoles. Il serait nécessaire de faire des études plus affinées sur les caractéristiques zootechniques de ces sous-populations identifiées d'une part et en fonction des systèmes de production d'autre part, afin de proposer un plan de gestion rationnelle et d'amélioration du lapin au Burkina Faso.

CONFLITS D'INTERETS

Les auteurs déclarent ne pas avoir de conflit d'intérêts pour ce manuscrit.

CONTRIBUTIONS DES AUTEURS

BT: conduite de l'étude sur le terrain, collecte des données, analyses statistiques des données et rédaction de l'article ; GKD: orientation de l'étude, analyses statistiques des données et rédaction de l'article ; MBS : analyses statistiques des données et rédaction de l'article ; OCH et AMGB : orientation de l'étude et correction de l'article.

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient l'ensemble des producteurs de lapins qui les ont reçus durant toutes les phases de cette étude. Ils remercient également les structures que sont le CIRDES pour avoir assuré les analyses de biologie moléculaire et l'INERA pour le parrainage de l'étude. Ils restent reconnaissants à tous ceux qui ont contribué à l'aboutissement de l'étude.

REFERENCES

- Adande R, Adjahouinou DC, Liady MND, Fiogbe ED. 2017. Alimentation des lapins (*Oryctolagus cuniculus* L.) à base de *Azolla filiculoides*, *Elaeis guineensis*, *Ipomoea aquatica* et *Panicum maximum* : Effet sur la croissance des lapins et potentiel nutritif des crottes pour l'aquaculture. *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, **11**(6): 2914-2923. DOI: <https://dx.doi.org/10.4314/ijbcs.v11i6.28>
- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F. 2004. GENETIX 4.05 (1996-2004) logiciel sous windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interaction. CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, France. Available online: <http://www.genetix.univ-montp2.fr/genetix/intro.htm> (accessed on 19 April 2021).
- Boukabene FK, 2020. Contribution à l'étude de quelques caractères polymorphes en relation avec la productivité chez le lapin local (*Oryctolagus cuniculus*). Thèse de doctorat, Université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem, Algérie, p. 144.
- Dembélé Y, Somé L. 1991. Propriétés hydrodynamiques des principaux types de sols du Burkina Faso. In *Soil Water Balance in the Sudano-Sahelian Zone*, ICRISAT; 217-227.
- Evanno G, Regnaut S, Goudet J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, **14**(8): 2611-2620.

- DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2005.02553.x>
- FAO, 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines N°9, (disponible à l'adresse internet <http://www.fao.org/docrep/014/i2413e/i2413e00.htm>), Rome; p. 100.
- FAO, 2013. Caractérisation phénotypique des ressources génétiques animales. Directive FAO sur la production de la santé animale. N°11, Rome; p. 143.
- Goudet J. 2003. Fstat (ver. 2.9.4), a program to estimate and test population genetics parameters. Available from <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>. Updated from Goudet [1995].
- Guinko S. 1984. Végétation de Haute Volta. Thèse de Doctorat d'Etat, Université de Bordeaux III (France), p. 145.
- Kagoné H. 2001. Profil fourrager. Burkina Faso. <file:///K:/NouveawBurkinaFfrench.htm>. [Consulté les 10 novembre 2016 à 17h15mn], p. 23.
- Kiendrébéogo T, Kindo A, Pousga S, Barry D, Bougouma-Yamoégo MCV, Kaboré-Zoungrana C-Y. 2022. Déterminants de la consommation de la viande de lapins dans la ville de Bobo-Dioulasso (Burkina Faso). *Journal of Animal & Plant Sciences*, **54**(3): 9978-9988. DOI: <https://doi.org/10.35759/JAnmPLSci.v54-3>
- Kimsé M, Soro D, Bleyere MN, Yapi JN, Fantodji A. 2021. Apport d'un fourrage vert tropical, *Centrosema pubescens*, en complément au granulé : effet sur les performances de croissance et sanitaire du lapin (*Oryctolagus cuniculus*). *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, **15**(3): 869-878. DOI: <https://dx.doi.org/10.4314/ijbcs.v15i3.2>
- Kryger U, Robinson TJ, Bloomer P. 2002. Isolation and characterization of six polymorphic microsatellite loci in South African hares (*Lepus saxatilis* F. Cuvier, 1823 and *Lepus capensis* Linnaeus, 1758). *Molecular Ecology Notes*, **2**(4): 422-424. DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1471-8286.2002.00265.x>
- Mougel F, Mounolou J-C, Monnerot M. 1997. Nine polymorphic microsatellite loci in the rabbit, *Oryctolagus cuniculus*. *Animal Genetics*, **28**(1): 58- 71. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1997.00047.x>
- MRA (Ministère des Ressources Animales), 2004. Rapport : Deuxième Enquête Nationale sur les Effectifs du Cheptel. ENEC II (Enquête Nationale sur les Effectifs du Cheptel II) (2003), p. 85.
- Ouattara G. 1989. Influence du taux de lipides sur la viabilité et la croissance des lapereaux. Mémoire d'ingénieur du développement rural, ISN-IDR, Université de Ouagadougou, p. 84.
- Ouédraogo B, Nikiema ZS, Zoundi SJ. 2021. Cuniculture dans la zone périurbaine de Ouagadougou : situation actuelle et perspectives de son développement. *Revue Ivoirienne des Sciences et Technologie*, **37**: 82-105. https://revist.net/REVIST_37/6-ST-772.pdf
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, **155**(2): 945-959. DOI: <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>
- Rico C, Rico I, Webb N, Smith S, Bell D, Hewitt G. 1994. Four polymorphic microsatellite loci for the European wild rabbit *Oryctolagus cuniculus*. *Animal Genetics*, **25**(5): 367. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1994.tb00379.x>
- Rogel-Gaillard C, Ferrand N, Hayes H. 2009. Rabbit. In *Genome Mapping and Genomics in Domestic Animals*, Kole C, Cockett N (ed). Springer Heidelberg : Berlin;165-230.
- Sanou HO. 1990. Influence de la race, de l'alimentation, de la saison et du mode de conduite sur tes performances de reproduction et de production des lapins. Mémoire d'ingénieur du développement

- rural, ISN-IDR, Université de Ouagadougou, p. 116.
- Soro K, Loukou EN, N'goran EK, Bamba BB. 2022. Simon-Pierre Assanvo N'guetta Evaluation des performances de croissance des lapereaux issus du croisement entre mâles de la race exotique *Hyplus* et femelles locales à la ferme Cunisoro à Anyama (Côte-d'Ivoire). *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, **16**(5): 2032-2042. DOI: <https://dx.doi.org/10.4314/ijbcs.v16i5.17>
- Surridge AK, Bell DJ, Ibrahim KM. 1999. Population structure and genetic variation of European wild rabbits (*Oryctolagus cuniculus*) in East Anglia. *Heredity*, **82**(5): 479-487. DOI: <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6885110>
- Surridge AK, Bell DJ, Rico C, Hewitt GM. 1997. Polymorphic microsatellite loci in the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) are also amplified in other lagomorph species. *Animal Genetics*, **28**(4): 302-305. DOI: <https://doi/10.1111/j.1365-2052.1997.00137.x>
- Thiam M, Tovignon GCZ, Toure AI, Kimse M, Obiang CS, Mboko AV, Matumuini FN, Nono FCN, Engonga LCO, Ondo JP, Tendonkeng F, Miegoue E, Boukila B, Tedonkeng EP. 2021. Effects of incorporation levels of *Pueraria phaseoloides* leaf flour on carcass characteristics and chemical composition of meat from local rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) in South-East Gabon. *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, **15**(3): 869-878. DOI: <https://dx.doi.org/10.4314/ijbcs.v15i3.2>
- Tian-Wen W, Gui-Jiang X, Yu-Lai P, Xi-Ping X, Bi-Chun L, Xin-Sheng W. 2010. Study on genetic diversity of 7 rabbit populations evidenced by microsatellite makers. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, **9**(2): 359-365. DOI: <https://doi/10.3923/javaa.2010.359.365>
- Tougan PU, Aholou RB, Yayi-Ladekan E, Tchobo PF, Akouegninou A, Hanzen C, Koutinhoun GB. 2019. Qualité technologique et nutritionnelle de la viande des lapins nourris avec des rations contenant des feuilles de *Cissus populnea* et *Synedrella nodiflora* et corrélations. *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, **13**(3): 1747-1761. DOI: <https://dx.doi.org/10.4314/ijbcs.v13i3.43>
- Traoré B, Hien OC, Diarra B, Nikiéma AD, Bougouma/Yaméogo VMC, Belem AMG. 2018. Caractéristiques morphobiométriques des populations de lapins (*Oryctolagus cuniculus*) au Burkina Faso. *Cameroon Journal of Experimental Biology*, **12**(1): 1-10. DOI: <https://doi/10.4314/cajeb.v12i1.1>
- Traoré B, Hien OC, Nikiéma AD, Bougouma/Yaméogo VMC, Belem AMG. 2019. Caractéristiques socioéconomiques de la cuniculture au Burkina Faso. *Science et Technique, Sciences Naturelles et Appliquées*, **34-37**: 35-51, 2015-2018.
- Xin-Sheng W, Tian-Wen W, Hui -ling Z, long CG, Qi X, Jin- Hua C, Xiu-Bai Z, Guo-Hong C. 2008. Correlation analysis of wool yield in Wan line Angora rabbits using microsatellite DNA markers. *Journal of Biological Sciences*, **8**(3): 679-682. DOI: <https://doi.org/10.3923/jbs.2008.679.682>