



Journal Homepage: -[www.journalijar.com](http://www.journalijar.com)

## INTERNATIONAL JOURNAL OF ADVANCED RESEARCH (IJAR)

Article DOI:10.21474/IJAR01/19336  
DOI URL: <http://dx.doi.org/10.21474/IJAR01/19336>



### RESEARCH ARTICLE

#### IDENTIFICATION GENETIQUE DES MOUTONS DE RACE LADOUM DANS LES REGIONS DE DAKAR ET DE THIES

Guèye Cheikhou<sup>1</sup> and Diack Falou<sup>2</sup>

1. Département de Biologie Animale, Université Cheikh Anta Diop de Dakar (UCAD), BP 5005 Dakar-Fann, Sénégal.
2. Institut Sénégalais de Recherches Agricoles (ISRA) Centre de Recherches Zootechniques (CRZ) de Dahra, BP 53, Linguère, Sénégal.

#### Manuscript Info

##### Manuscript History

Received: 21 June 2024  
Final Accepted: 24 July 2024  
Published: August 2024

##### Key words:-

Sheep, Ladoum, Beta-Fibrinogen,  
Genetically Characterize, Thiès, Dakar,  
Senegal

#### Abstract

In Senegal, livestock farming accounts for almost a third of households and almost half of the rural population. Urban livestock farming is mainly based on short-cycle animals, including the Ladoum sheep, which has become the most popular breed among Senegalese. The aim of this study is to genetically characterise Ladoum sheep in order to verify a probable genetic differentiation and structuring in relation to their belonging to different localities (Dakar and Thiès) and to determine their demographic evolution. The study concerned two localities : Dakar (14 individuals) and Thiès (30 individuals). BioEdit version 7.0.5.3 was used to clean and correct the sequences obtained. DnaSP version 5.10, MEGA version 7.0.14 and Arlequin version 3.5.1.3 were used to highlight the parameters of variability, differentiation and demo-genetic evolution. Our results show significant variability in bêta-fibrinogen (18.50%) compared with results found in the literature. The genetic diversity results indicate that our populations are undergoing rapid demographic growth, and this was confirmed by the results of the demogenetic tests. The study also indicated that there are no genetic differences between individuals in the two localities and that all of the genetic variation in the total population is explained by genetic diversity between individuals within a population (locality). Our results also show that there was no genetic differentiation or structuring of Ladoum sheep according to locality in Senegal.

Copyright, IJAR, 2024., All rights reserved.

#### Introduction:-

Les systèmes d'élevage apportent une contribution majeure aux économies nationales dans le monde entier. Le sous-secteur de l'élevage constitue, au Sénégal, un maillon essentiel de l'économie, à travers la satisfaction des besoins alimentaires des populations rurales et urbaines, la création d'emplois et la promotion des exportations (Guèye, 2003). Considéré comme activité traditionnelle dans les zones rurales, l'élevage se développe de plus en plus en milieu urbain et périurbain pour répondre à une demande croissante en produits d'origines animales mais aussi pour assurer une source de revenu aux pratiquants (Ousseyni, 2011).

**Corresponding Author:-Guèye Cheikhou**

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

La valeur de la production animale représente 40% de la production agricole totale dans les pays développés et 20% de cette production dans les pays en développement (FAO, 2018). Son poids dans le PIB au Sénégal est estimé à (3,4%) en 2019 et contribue à hauteur de 0,1 point à la croissance économique (4,4%) (ANSD, 2022). L'activité occupe près d'un tiers des ménages et près de la moitié de la population rurale (PSE, 2018).

L'élevage urbain est principalement basé sur l'exploitation des animaux à cycle court. Parmi ces animaux, les petits ruminants et notamment les moutons font partie des espèces les plus exploitées. Ces races ovines sont: le Touabire, le Peul-peul, le Waralé (issu du croisement entre le Touabire et le Peul-peul), le Bali-bali et le Ladoum. Ce dernier est élevé selon le mode intensif dans les grandes villes du Sénégal avec une prédominance dans les régions de Thiès, Dakar et Saint-Louis (Ousseini, 2011). Son élevage nécessite la construction de bergeries, l'achat d'aliments concentrés, de produits vétérinaires et l'amélioration génétique (Cabaraux *et al.*, 2013).

Le mouton Ladoum est une race de grand format, qui du fait de ses fortes performances zootechniques est devenu le mouton le plus désiré par les sénégalais (Thior, 2013). Il est hypermétrique et longiligne (Sall, 2007), avec une hauteur au garrot moyenne de  $104,1 \pm 6,09$  cm (mâle) et  $97,1 \pm 6,17$  cm (femelle) (Diack *et al.*, 2021). Chez les mâles Ladoum adultes la moyenne du périmètre thoracique (PT) est de 116,1 cm et chez les femelles adultes, elle est de 105,5 cm (Diack *et al.*, 2021). Les animaux sont précoces, ont une bonne conformation et un dimorphisme sexuel très marqué (Thior, 2013 ; Diack *et al.*, 2021). Les robes dominantes de la race sont les couleurs blanche tache noire, blanche uniforme et blanche plaque noire (Diack *et al.*, 2021). Selon Diack *et al.* (2021), la race ladoum est sans ou à faible présence de pendeloques; les mâles sont tous cornus, et les femelles portent fortement des cornes prouvant ainsi que le port de cornes est la règle chez cette race.

Malgré son importance socio-économique, le mouton Ladoum a fait l'objet de peu d'études. Ces dernières ont portées sur le volet socio-économique avec Ousseini en 2011; sur l'analyse de ses stratégies d'alimentation menée par Thior en 2013 et sur sa caractérisation morpho-biométrique et systèmes d'élevages réalisée par Sall en 2007. Récemment, Diack *et al.* (2021) ont étudié quelques caractéristiques morpho-biométriques de la race ladoum du Sénégal. La seule étude d'ordre génétique portant sur la race Ladoum a été réalisée par Sadio en 2010 et dont il s'agissait de le comparer génétiquement avec le Touabire. De ce fait, le mouton de race Ladoum n'est pas génétiquement assez bien décrit.

L'objectif de cette étude est de caractériser génétiquement les moutons Ladoum afin de vérifier une probable différenciation et structuration génétiques en rapport avec leur appartenance à des localités différentes (Dakar et Thiès) et de déterminer leur évolution démographique.

## Matériels et Méthode:-

### Cadre géographique de l'étude

L'étude a été réalisée dans les localités de Dakar et Thiès.

### Thiès

Située entre  $14^{\circ}46'$  de latitude nord et  $16^{\circ}54'$  de longitude ouest, la région de Thiès est à 70 km de Dakar, située dans l'ouest du pays, en couronne autour de la presqu'île du Cap-Vert. Elle couvre une superficie de 6. 601 km<sup>2</sup>, soit 3,4% du territoire national. Elle est à cheval sur la zone des Niayes et celle du bassin arachidier. L'élevage est semi-intensif et a un impact certain sur le développement régional (CRT, 2002).

### Dakar

La région de Dakar est située dans la presqu'île du Cap Vert et comprise entre les  $17^{\circ} 10'$  et  $17^{\circ} 32'$  de longitude Ouest et les  $14^{\circ} 53'$  et  $14^{\circ} 35'$  de latitude Nord. Avec une superficie de 550 km<sup>2</sup>, soit 0,28 % du territoire national, elle est limitée à l'Est par la région de Thiès et par l'Océan Atlantique dans ses parties Nord, Ouest et Sud. Elle se situe entre les isohyètes 300 et 600 mm.

### Méthode de collecte:-

L'échantillonnage a été réalisé dans deux régions du Sénégal: Dakar et Thiès. Ce sont deux localités très impliquées dans l'élevage de mouton. La région de Thiès est décrite le plus souvent comme le berceau de la race Ladoum au Sénégal (Sall, 2007).

Au total 44 sujets ont été échantillonnés dont 30 individus provenant de Thiès et 14 individus échantillonnés à Dakar. Le sang a été prélevé sur les individus au niveau de la veine jugulaire puis collecté dans des tubes contenant de l'acide éthylène diamine-tétra-acétique (EDTA), produit permettant la conservation des acides nucléiques du sang pour une longue durée. Les prélèvements étaient mis sous glace durant toute la durée de l'échantillonnage; et une fois au laboratoire BIOPASS de biologie moléculaire du Centre de Biologie et de Gestion pour les Populations (CBGP) de l'IRD de Bel-Air. Les échantillons ont été conservés au réfrigérateur pour éviter toutes dégradations du matériel génétique, jusqu'à l'extraction.

Le codage des échantillons a été fait en tenant compte de la race de l'individu (Ladom « L »), de la localité (Dakar « DK » ou Thiès « TH ») où il a été échantillonné et du numéro du troupeau (Tx).

Dans chaque localité, quatre (4) individus au maximum ont été échantillonnés par troupeau.

Nous définissons notre population d'étude comme étant l'ensemble des individus appartenant à une même localité.

**Tableau I:-** Echantillons analysés.

Localités	Code échantillon	Nombre d'échantillon
Dakar	LDKT	14
Thiès	LTHT	30

### Etudes génétiques

#### De l'extraction au séquençage du beta-fibrinogène

L'ADN total de chaque échantillon a été extrait à l'aide du protocole Qiagen (kit Qiagen Dneasy Blood).

Puis le bêta-fibrinogène a été amplifié par PCR. L'amplification a été réalisée dans un volume réactionnel de 50 µl contenant pour certains échantillons 2 µl d'extrait d'ADN concentré et pour d'autres 4 µl d'extrait d'ADN concentré avec respectivement 12 µl et 10 µl d'eau milliQ. Pour les autres constituants les mêmes volumes ont été utilisés dans tous les 2 cas à savoir 25 µl de Master Mix, 1 µl de MgCl<sub>2</sub> supplémentaire et 5 µl de chaque amorce. Elle a été effectuée par la répétition de cycles qui assure une multiplication par 2 de l'ADN cible à chaque cycle. Les conditions de l'amplification sont les suivantes: dénaturation initiale à 94°C pendant 3 minutes, suivie de 40 cycles de dénaturation à 94°C pendant 30 secondes; d'hybridation à 67°C pendant 1 minute et une élongation du brin d'ADN complémentaire à 72°C pendant 1 minute 30 secondes; et une élongation finale à 72°C pendant 10 minutes termine la PCR.

L'électrophorèse a permis de visualiser les produits de: l'extraction, la PCR afin de vérifier la présence des extraits et amplifiés, leur taille et d'éventuelles contaminations de l'ADN.

Le séquençage, reposant sur une adaptation de la molécule enzymatique de Sanger (1977), a été réalisé par la société Macrogen en Corée du Sud.

### Analyses génétiques

#### Alignement des séquences

Les séquences obtenues sont nettoyées et corrigées à l'aide du logiciel BioEdit version 7.0.5.3 (Hall, 1999). Puis ces séquences sont alignées en utilisant l'éditeur ClustalW multiple alignment (Thompson *et al.*, 1997) permettant de mettre en évidence les similitudes, laissant paraître la position des insertions, des délétions ou encore des substitutions. Les séquences alignées ont été minutieusement et manuellement vérifiées et corrigées.

#### Polymorphisme et diversité génétique

Pour estimer la diversité génétique du bêta-fibrinogène des différents individus, nous avons déterminé le nombre de sites variables et invariables, le nombre total de mutations, le nombre d'haplotypes, le nombre moyen de différences nucléotidiques, la diversité haplotypique (hd) et nucléotidique ( $\pi$ ), grâce au logiciel DnaSP version 5.10 (Librado & Rozas, 2010). Les fréquences nucléotidiques et la nature des mutations (% de transitions et de transversions) ont été respectivement calculées et déterminées avec le programme MEGA version 7.0.14 (Tamura *et al.*, 2016).

### Différenciation et structuration génétique

L'estimation de la différenciation génétique entre populations a été faite en utilisant deux indices: le degré de différenciation génétique (*Fst*) calculé grâce au programme Arlequin version 3.5.1.3 (Excoffier and Lischer, 2010) et les distances génétiques intra et inter-populations de Nei (Nei, 1978) exécutables avec MEGA version 7.0.14 (Tamura *et al.*, 2016) qui tient compte du nombre moyen de substitutions par site survenu depuis la divergence entre deux espèces données.

L'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) qui permet d'estimer les indices de structuration génétique a été évaluée avec Arlequin version 3.5.1.3 (Excoffier *et al.*, 2010).

### Evolution démographique

L'expansion démographique des populations a été étudiée en faisant des tests démo-génétiques que sont le D de Tajima (Tajima, 1989a), le *F<sub>s</sub>* de Fu (Fu, 1997) et le R2 de Ramos (Ramos, 2002) avec les programmes DnaSP version 5.10 (Librado&Rosas, 2010) et Arlequin version 3.5.1.3 (Excoffier *et al.*, 2010). L'analyse de la disparité de distribution (Mismatch distribution), qui est la représentation graphique de la distribution de distances génétiques existant entre les individus a été sortie à l'aide du logiciel DnaSP version 5.10 (Librado&Rosas, 2010). Les indices SSD (Somme des carrées des déviations) et le Rag (indice d'irrégularité), qui testent la qualité d'ajustement de la distribution, ont été obtenus avec le logiciel Arlequin version 3.5.1.3 (Excoffier *et al.*, 2010). Ces tests ont comme objet de distinguer les séquences, dont l'évolution suit un model évolutif neutre à celles évoluant selon un processus non aléatoire.

### Résultats:-

#### Extraits d'ADN et produits PCR

Après l'extraction et la PCR, nous nous retrouvons avec 38 individus qui seront soumis au séquençage. En effet, six (6) échantillons ont été éliminés (trois(3) lors de l'extraction et trois(3) autres lors de la PCR). Ces individus ont été supprimés car la migration électro-phorétique a révélé chez eux soit une absence, soit une contamination de leur ADN.

#### Alignement des séquences

Après le séquençage, nous avons obtenu un total de 38 séquences. L'alignement des séquences portera donc sur 38 individus. Suite à une correction minutieuse, nous nous sommes retrouvés avec 34 séquences d'une longueur maximale de 611 paires de bases qui ont été bien alignées. Les séquences L6THT3; L7THT3; L11THT4 et L21THT7 ont été éliminées parce qu'elles s'alignent très difficilement avec les autres séquences constituant notre jeu de données. Les analyses génétiques, ont donc porté sur 34 individus.

#### Paramètres de variabilité génétique

Parmi les 611pb, il y'a 81,50% de sites conservés et 18,50 % de sites polymorphes. Les mutations de type transversion (58,34%) sont majoritaires par rapport à celles de type transition (41,66%). Pour les nucléotides, la thymine a une fréquence de 30,8%, la cytosine 22%, l'adénine 26,9% et la guanine 20,3%. Nous notons, pour la totalité des individus, une composition nucléotidique en A+T (57,7%) légèrement plus élevée que celle de C+G (42,3%). Les résultats sont consignés dans le tableau II.

**Tableau II:-** Variabilité génétique.

Paramètres	Valeurs obtenues			
Taille de l'échantillon	34			
Nombre de sites	611			
Sites monomorphes	81,50%			
Sites polymorphes	18,50%			
Nombre total de mutations Eta	127			
Nombre moyen de différence nucléotidique K	10,141			
Fréquences nucléotidiques (%)	T	C	A	G
	30,8	22,0	26,9	20,3
Nature des mutations	Transitions (%)			
Transversions (%)	41,66%			
Taux de mutation R	58,34%			
	0,70			

### Indices de diversité génétique

Elles sont déterminées dans un premier temps à l'intérieur de chaque population et ensuite pour l'ensemble des individus dans sa globalité (Tableau III). Le bêta-fibrinogène révèle une diversité haplotypique forte et une diversité nucléotidique faible dans les populations de Thiès ( $Hd = 0,974$  et  $Pi = 0,019$ ) et de Dakar ( $Hd = 0,901$  et  $Pi = 0,012$ ). Les valeurs de  $Hd$  et  $Pi$  de la population globale sont respectivement forte (0.943) et faible (0.017).

Le nombre d'haplotypes total;  $h=23$  dont 20 individuels sur 34 séquences, est considéré comme relativement élevé. La population de Thiès possède plus d'haplotypes (16 haplotypes pour 20 séquences) que celle de Dakar (9 haplotypes pour 14 séquences).

**Tableau III:-** Indices de diversité génétique.

	Nombre de séquences (n)	Nombre d'haplotypes (h)	Diversité haplotypique (hd)	Diversité nucléotidique (Pi)
Thiès	20	16	$0,974 \pm 0,025$	$0,019 \pm 0,004$
Dakar	14	9	$0,901 \pm 0,004$	$0,012 \pm 0,004$
Total	34	23	$0,943 \pm 0,028$	$0,017 \pm 0,003$

### Paramètres de différenciation et de structuration génétiques

#### Distances génétiques de Nei

L'analyse des distances génétiques de Nei entre les groupes (localités) a révélé une distance génétique,  $D = 0,017$ . La valeur de la distance génétique (0,021) entre les individus de Thiès est supérieure à celle entre les individus de Dakar (0,012). Les résultats sont consignés dans le tableau IV.

**Tableau IV:-** Distances génétiques intra et inter-populations (ou groupes).

Distances génétiques		
Groupes	Intra-groupes	Inter-groupes
Thiès	0,021	0,017
Dakar	0,012	

#### Analyse moléculaire de variance (AMOVA)

Les résultats montrent que la totalité de la variation génétique de la population totale est expliquée par la diversité génétique entre individus au sein d'une population ( $pVb = 101,17\%$ ). La diversité génétique entre populations est quasi inexistante ( $pVa = -1,17\%$ ).

Les résultats sont résumés dans le tableau V.

**Tableau V:-** Résultats AMOVA.

Source de variation	d.f.	Somme des carrées	Composantes de la variance	Pourcentage de variation
Variation entre Populations	1	4,241	-0,05998 Va	-1,17
Variation au sein d'une Population	30	155,571	5,18571 Vb	101,17

### Evolution démographique

#### Tests démo-génétiques

La valeur du  $D$  de Tajima ( $-1,889$ ;  $P=0,015$ ) est significativement négative et celle du  $F_s$  de  $F_u$  ( $-1,007$ ;  $P=0,328$ ) est négativement non significative. Cependant l'indice  $R_2$  de Ramos ( $0,160$ ;  $P=0,00$ ) est significativement positif. Les résultats sont traduits dans le tableau VI.

**Tableau VI:-** Résultats des tests démo-génétiques.

Paramètres	Valeurs	P-value
D de tajima	-1.889	0.015
Fs de Fu	-1.007	0.328
R2	0.160	0.000

### Analyse de la disparité de distribution

La disparité de distribution (Mismatch distribution) des paires de base pour le gène montre les fréquences attendues et observées (trait plein en vert et pointillé en rouge respectivement) des différences par paire entre les échantillons. Les valeurs de SSD (0,020;  $P=0,875$ ) et Rag (0,037;  $P=0,745$ ) sont positives et non significatives. Les résultats témoignent une distribution unimodale.

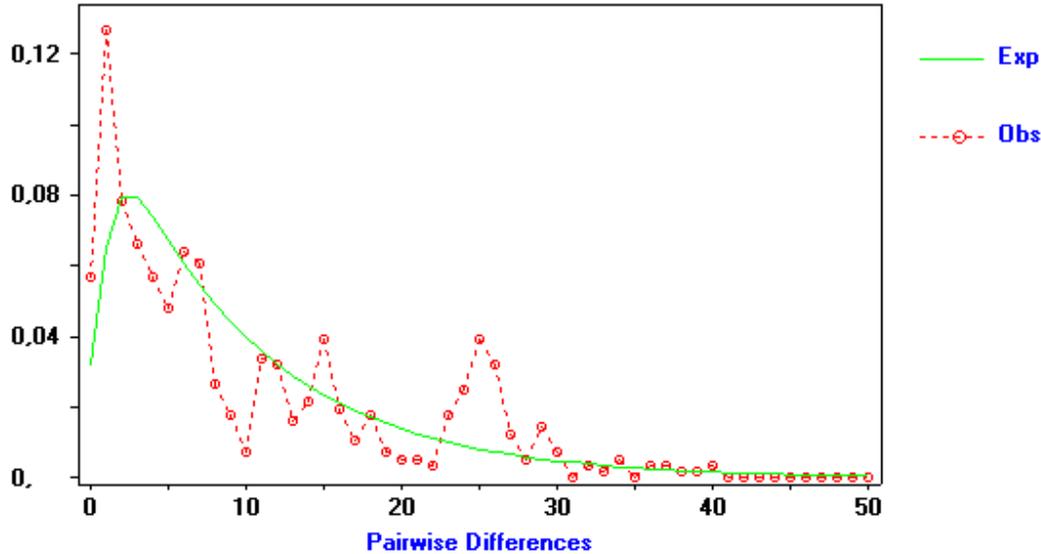


Figure 1:- Mismatch distribution selon un modèle croissance-déclin.

### Discussion:-

Dans la présente étude, le bêta-fibrinogène qui est un gène nucléaire a été analysé chez 34 individus de mouton Ladoum. Nous avons procédé à l'étude de la variabilité et diversité génétiques, de la différenciation et structuration génétiques et de l'évolution génétique afin de comparer les séquences issues de nos différentes localités. Cette démarche a pour but ultime de caractériser génétiquement les moutons Ladoum afin de vérifier une probable différenciation et structuration génétiques en rapport avec leur appartenance géographique et de déterminer leur évolution démographique.

Nos résultats montrent une variabilité importante (18,50%) du gène chez les moutons Ladoum. Ceci pourrait être dû au fait que les individus échantillonnés ou quelques-uns d'entre eux ne sont pas de race pure. L'élevage en race pure diminue la variabilité génétique intra-population (Verrier *et al.*, 2009). En effet, il se pourrait que lors de la genèse de leur élevage, par défaut d'inaccessibilité aux prix des ladoums purs sang, certains éleveurs auraient eu recours à des croisements d'absorption (la race absorbée disparaît peu à peu pour être supplantée par la race absorbante (Verrier *et al.*, 2009)). Ceci peut permettre à la longue disposer d'un troupeau avec seulement des moutons Ladoum sur le plan phénotypique; mais qui sont génétiquement métissés.

Par ailleurs, il faut noter que les races ne sont pas complètement isolées en terme génétique, elles doivent constamment changer en réponse aux changements des demandes du marché et sont parfois introgressées par d'autres races (FAO, 2004).

Les indices de diversité haplotypique (Hd) et nucléotidique (Pi) ainsi que leurs variances suggèrent que la population Thiessoise est la plus polymorphe car présentant des valeurs Hd (0,974) et Pi (0,019) les plus élevées. De même elle présente aussi plus d'haplotypes (16 haplotypes pour 20 séquences). Néanmoins les valeurs de Hd (0,901) et Pi (0,012) trouvées pour la population de Dakar sont aussi considérées respectivement comme forte et faible. La forte diversité haplotypique ( $hd > 50\%$ ; Ndiaye *et al.*, 2014), et la faible diversité nucléotidique observées suggèrent une expansion rapide de population à partir d'une population ancestrale de taille réduite. Le temps depuis cette expansion, a été suffisant pour retrouver un nombre important d'haplotypes par mutation, mais trop court pour accumuler de larges différences entre les séquences en nombre de mutations.

La forte diversité haplotypique (hd) observée chez les populations de moutons Ladoum révèle l'existence de différents haplotypes individuels (20 haplotypes individuels sur un total de 23 haplotypes). Plus la diversité haplotypique est élevée au sein de l'échantillonnage, plus il y a de chances d'observer des haplotypes différents lorsque l'on sélectionne deux individus au hasard (Nei, 1987). Les mêmes études faites chez les bovins (Bradley *et al.*, 1996), chez les ovins (Hiendleder *et al.*, 2002 ; Meadows *et al.*, 2005 ; Karpinski *et al.*, 2006) montrent que la présence d'haplotypes différents chez les races domestiquées est liée à la multiplicité des origines maternelles. Ceci peut renforcer l'idée selon laquelle la race Ladoum est issue du métissage de différentes races. De par ce constat, nous en déduisons l'existence de plusieurs haplotypes différents au sein d'une même race. La domestication sépare la plupart des lignées maternelles provoquant ainsi une divergence entre les animaux d'élevage (MacHugh et Bradley, 2001).

Les valeurs des distances génétiques intra et inter-populations sont faibles. Ces résultats montrent que ces deux populations sont proches génétiquement. A l'intérieur de chaque population, il apparaît une distance génétique faible de 0,012 pour la population de Dakar et de 0,021 soit environ 2,1% de mutations sur la séquence nucléotidique des individus de la population de Thiès. Ce qui montre que la variabilité est plus importante entre individus d'une même population qu'entre individus de population différente.

En effet, la variabilité ou le polymorphisme entre les populations issues de localités différentes n'est pas assez forte pour provoquer une différenciation génétique. Ceci suggère que ces populations de races Ladoum sont génétiquement proches et donc il n'y a aucune différenciation génétique entre ces deux populations résultant du niveau élevé des échanges génétiques entre elles. Aussi, elle signale que les deux populations (Thiès et Dakar) possèdent un même pool génétique. Ceci amène à considérer la population dans sa globalité comme formant un groupe homogène. Ce constat peut sans doute être corroboré par une hypothèse: le fait qu'il n'y ait pas de barrières géographiques, commerciales ou une autre entrave aux flux géniques entre individus de ces localités. Ce qui révèle que la tendance à une différenciation ou à une structuration génétique ne peut être expliquée par une étude orientée exclusivement sur une échelle populationnelle par localité.

L'analyse de la variance moléculaire ou AMOVA révèle que la totalité de la variation génétique de la population totale est expliquée par la diversité génétique entre individus au sein d'une population, la diversité génétique entre populations est quasi inexistante. Ceci confirme les résultats de diversité haplotypique et des distances génétiques qui avaient montré que la plus grande variabilité se situait entre individus d'une même population.

Cette tendance peut s'expliquer par les échanges importants de reproducteurs entre les différentes exploitations de moutons Ladoum afin de contre-carrer les effets de la consanguinité. Les éleveurs de moutons Ladoum prennent en compte la notion de consanguinité lors des accouplements (Ousseini, 2011). En effet, l'acquisition de géniteurs provenant d'autres populations permettra une augmentation de la diversité génétique intra-population tout en diminuant la diversité génétique entre les populations.

Les mouvements d'individus entre les populations tend à faire décroître la variabilité inter-population, mais fait augmenter la variabilité intra-population en y apportant de nouveaux allèles (flux génique) (Sugget *et al.*, 1996 ; Storz, 1999). Ceci traduit globalement une différenciation et une structuration génétiques inexistantes des populations de mouton Ladoum suivant les localités à cause des importants échanges de reproducteurs. Donc les localités n'ont pas véritablement une influence sur la différenciation et probablement sur la structuration des populations de moutons de race Ladoum.

Dans cette étude, nous avons aussi cherché à élucider l'histoire démographique de la population raciale de Ladoum du Sénégal. Sur la base de la valeur de D de Tajima, du  $F_s$  de Fu, de  $R_{2t}$  et de la distribution unimodale, la présente étude indique que les moutons de race Ladoum sont en expansion démographique. En effet selon le modèle croissance-déclin, Mismatch unimodale et les indices de qualité (SSD et Rag) ne sont pas significatifs, alors il n'y a pas d'écart entre les valeurs observées et simulées, et la population considérée est en expansion démographique rapide confirmant ainsi les résultats des diversités haplotypique et nucléotidique.

### **Conclusion:-**

L'émergence de l'élevage de mouton de race Ladoum est devenue une réalité au Sénégal. Avec les changements socioéconomiques et les demandes commerciales, les éleveurs ont souhaité privilégier depuis plusieurs dizaines d'années, les races les plus productives (exemple du Ladoum) afin d'obtenir de meilleurs rendements économiques.

Les efforts de professionnalisation et de spécialisation pour l'amélioration génétique du mouton Ladoum sont visibles à travers les produits obtenus au niveau des exploitations. En fonction des besoins du marché, une collaboration entre éleveurs et instituts de recherche permettrait une standardisation de la morphologie et des performances de la race Ladoum. Certaines insuffisances sont à améliorer telles que le suivi technico-économique de ces élevages, la maîtrise des coûts de production, les techniques d'alimentation et de reproduction.

Une continuité de l'étude scientifique de cette race devient nécessaire pour mettre à la disposition des chercheurs et des développeurs suffisamment d'informations sur ces animaux.

Pour la mise en place d'une stratégie durable de préservation et d'amélioration de cette race, de bonnes politiques doivent être entreprises par les pouvoirs publics pour mieux accompagner les éleveurs de mouton Ladoum.

### Remerciements:-

Les auteurs remercient très sincèrement le Centre de Recherche Zootechnique de Dahra pour avoir assuré le financement de l'étude. Ils remercient également les techniciens qui ont assuré la collecte des données et les éleveurs qui ont bien voulu nous accueillir dans leurs troupeaux.

### Références Bibliographiques:-

1. Agence Nationale de la Statistique et de la Démographie (ANSD), 2022. Ministère de l'économie - Situation économique et sociale du SENEGAL en 2019/Elevage. p162-169. ISSN 0850 – 1491.
2. Bradley D. G., Machugh D. E., Cunningham P., Loftus R. T., 1996. Mitochondrial diversity and the origins of African and European cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, 93, 5131-5135.
3. Cabaraux J.F., Missohou A., Lenaerts M., Kirschvink N., Moula N., Raes M., Antoine-Moussiaux N., Dieng A., Leroy P., Hornick J-L., 2013. Le mouton Ladoum : Une race d'exception zootechnique à haute valeur symbolique et culturelle au Sénégal. Colloque international (Territoires périurbains : développement, enjeux et perspectives dans les pays du Sud) – Université de Liège-Gembloux.
4. Conseil Régional de Thiès (CRT), 2002. Plan régional de développement intégré de 2002 à 2006. Thiès-Sénégal : 84p.
5. Diack F., Traoré El-H., Thior El-H. Y., Guèye C., Sembene M., Seck M., 2021 : Etude de quelques caractéristiques morpho-biométriques de la race ladoum du Sénégal. *Int. J. Adv. Res.* 9(06), 315-323, ISSN: 2320-5407
6. Excoffier L., Lischer H. E. L., 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10: 564-567.
7. FAO., 2004. La situation mondiale de l'alimentation et de l'agriculture. Rome, Italie. 225p - ISSN 0251 – 1460
8. FAO., 2018. L'élevage mondial: Transformer le secteur de l'élevage grâce aux objectifs de développement durable – Résumé. Rome. 12 p. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.
9. Fu Y-X., (1997): Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 147: 915-925.
10. Gueye N. S., 2003. Revue et analyse des expériences de croisements bovins pour l'amélioration de la production laitière au Sénégal. Mémoire de fin d'études: diplôme d'ingénieur agronome: ENSA Thiès.
11. Hall T. A., 1999. Bio-edit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT. *Nucl. Acids. Symp. Ser.*, 41 ; 95-98.
12. Hiendleder S., Kaupe B., Wassmuth R., Janke A., 2002. Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proc R Soc Lond Biol Sci.*, 269, 893-904.
13. Karpinski M., Junkuszew A., Drozd A., Gruszecki T. M., 2006. A phylogenetic comparison of wild sheep (*Ovis musimon*) and domestic sheep (*Ovis aries*) represented by BCP synthetic line using mitochondrial cytochrome b gene sequence analysis. *Arch. Tierz, Dummerstorf.*, 49, 310-316.
14. Librado P., Rozas J., 2010. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25 ; 1451-1452.
15. Machugh D. E., Bradley D.G., 2001. Livestock genetic origins: goats buck the trend. *Proc. Natl. Acad. Sci USA.*, 98, 5382-5384
16. Meadows J. R. S., Li K., Kantanen J., Tapio M., Sipos W., Pardeshi V., Gupta V., Calvo J. H., Whan V., Norris B., Kijas J. W., 2005. Mitochondrial Sequence Reveals High Levels of Gene Flow Between Breeds of Domestic Sheep from Asia and Europe. *Journal of Heredity*, 96, (5), 494-501.

17. Ndiaye M. R., Diome T., Ndong A., Thiaw C., Sembene M., 2014. Haplotypes of Beetles *Sitophilus zeamais* and *Sitophilus oryzae*, Storage Pests of Maize in Senegal and Republic of Guinea. *IJSAT* (ISSN 2221-8386). Vol. 4 (6): 17-30.
18. Nei M., 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89: 583-590.
19. Nei M., 1987. *Molecular evolutionary genetics*, Columbia University Press, New York. NY, USA.
20. Ousseini H., 2011. Analyse socio-économique des élevages de mouton Ladoum. Mémoire de master. EISMV, UCAD, N°6 ; 33p.
21. PSE, 2018. Ministère de l'économie - Plan d'actions prioritaires 2019 – 2023. République du Sénégal. 143p
22. Ramos-Onsins S. E. and Rozas J., 2002: Statistical properties of new neutrality tests against population growth, *Mol. Biol. Evol.* 19, 2092–2100.
23. Sall S. M., 2007. Caractérisation morpho-biométrique et système d'élevage du Mouton Ladoum. Mémoire d'Ingénieur des travaux d'élevage : Bambey (ENCR) - Université de Bambey, 37p.
24. Storz J. F., 1999. Genetic consequences of mammalian social structure. *Journal of Mammalogy* 80, 553-569.
25. Sugg D. W., Chesser R. K., Dobson F. S., Hoogland J. L., 1996. Population genetics meets behavioral ecology. *Trends in Ecology and Evolution* 11, 338-342.
26. Tajima F., 1989a: Statistical methods for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123: 585-595.
27. Tamura K., Kumar S., Stecher G., 2016 (MEGA 7). Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33 : 1870-1874.
28. Thior E-H.Y., 2013. Analyse des stratégies endogènes d'alimentation en élevage ovin Ladoum dans la région de Thiès et propositions d'amélioration. Thèse de doctorat en médecine vétérinaire ; Dakar ; UCAD (EISMV), 98p.
29. Thompson, J., Higgins, D. and Gibson, T., 1997: CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22: 4673-4690.
30. Verrier E., Rognon X., Leroy G., Heams T., 2009. Le croisement : Apports potentiels du croisement, principaux plans de croisement. *AgroParisTech* ; p.97-118.