

**DIVERSITE GENETIQUE DU MOUTON (*OVIS ARIES*) DE RACE  
BALIBALI A LA STATION DE SAME AU MALI**

**GENETIC DIVERSITY OF BREED SHEEP (*OVIS ARIES*)  
BALIBALI AT SAME STATION IN MALI**

MADOU DAO<sup>1\*</sup>, SOULEYMANE SANOGO<sup>1</sup>, IDRISSE SACKO<sup>1</sup>, ABOU SIDIBE<sup>2</sup>, KALY DIAKITE<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centre Régional de Recherche Agronomique de Kayes

<sup>2</sup>Ecole Doctorale des Sciences et des Technologies du Mali (Université des Sciences, des Techniques et des Technologies de Bamako)

**Adresse pour correspondance** : Madou Dao, Chercheur, BP 281 Kayes, Mali \*Email : [madoudaoml@yahoo.fr](mailto:madoudaoml@yahoo.fr)

### Résumé

Les races de moutons ont été peu caractérisées au Mali. C'est pourquoi une étude moléculaire sur le polymorphisme des marqueurs microsatellites a été effectuée chez la race de mouton *Balibali* en Station à Samé au Mali. Huit (08) marqueurs microsatellites ont été utilisés sur 60 moutons. L'extraction de l'ADN a été effectuée selon le protocole de Promega et l'amplification selon la méthode de Patel. La taille des allèles a été déterminée sur 8 loci. Les résultats d'analyse ont donné 39 profils, 7 allèles et 8 génotypes au niveau de 8 loci concernés par l'étude. La taille moyenne des paires de base était de 92,22, une fréquence allélique moyenne de 0,32 ; une hétérozygotie de 0,53 et un PIC de 0,46. Ces résultats obtenus ont montré une forte diversité génétique au niveau des échantillons analysés.

**Mots clés** : Mouton Balibali ; Loci ; Allèles ; Station Samé ; Mali

### Abstract

Sheep breeds have been poorly characterized in Mali. Therefore, a molecular study on the polymorphism of microsatellite markers was carried out in the Balibali breed of sheep at the Samé Station in Mali. Eight (08) microsatellite markers were used on 60 sheep. DNA extraction was performed according to the Promega protocol and amplification according to the Patel method. The size of the alleles was determined at 8 loci. The analysis results gave 39 profiles, 7 alleles and 8 genotypes at the level of 8 loci concerned by the study. The mean base pair size was 92.22, mean allele frequency 0.32; a heterozygosity of 0.53 and a PIC of 0.46. These results showed a high genetic diversity in the samples analyzed.

**Keywords**: Balibali sheep; Loc; alleles; Same Station; Mali

### 1. Introduction

Le Mali est un pays à vocation agropastorale et dispose d'un important effectif du cheptel petit ruminant avec 50.350.887 têtes dont 21.149.808 ovins (DNPIA, 2021). Avec le changement climatique, l'élevage des animaux à cycle court notamment les petits ruminants, est devenu un moyen de résilience des populations nomades et d'agro-pasteurs. Sur le plan socio-culturel et économique, les petits ruminants singulièrement les moutons jouent un rôle déterminant. En effet, les moutons sont utilisés lors des fêtes religieuses et autres cérémonies

culturelles. Le mouton est le principal petit ruminant exporté vers les marchés de la sous-région.

Malgré leur importance, les races de mouton ont été peu caractérisées tant sur le plan phénotypique que génotypique. C'est le cas du mouton Balibali qui n'a pas fait l'objet de caractérisation moléculaire. Au Bénin, un test d'embouche de 3 mois conduit sur les béliers Balibali a permis d'obtenir des gains moyens quotidiens allant 56 à 66 g (Baguri, 2013).

La présente étude avait pour objectif de caractériser le mouton Balibali sur le plan moléculaire.

## 2. Matériel et Méthodes

La Station de Recherche Agronomique de Samé, située à 18 km au Nord-Ouest de la ville de Kayes, dans la commune de Samé Diongoma, a servi de cadre à l'étude. Les prélèvements ont porté sur un effectif de 60 moutons. L'extraction de l'ADN a été effectuée selon le protocole de Promega, la migration sur un gel (agarose D1) de la photographie sous UV dans le Gel Doc E-BoX. L'amplification a été effectuée en utilisant les paires d'amorces de cinq (05) loci, suivant la méthode de Patel et *al.* (2007) modifiée. Les produits de PCR ont été migrés sur un gel métaphore (agarose MS4) de 4% dans la bague de migration, à 100V pendant 2h30mn. Pour évaluer la taille des bandes et déterminer les génotypes correspondants la visualisation du gel sous UV dans le Gel Doc E-BoX a été effectuée. Elles ont porté sur 5 loci repartis sur 4 chromosomes à savoir : 2 ; 3 ; 5 et 25. Les profils ont été analysés avec E-Capt pour la détermination des différents allèles de chaque locus. L'hétérozygotie et le Polymorphis Information Content (PIC) ont été calculés avec le logiciel PIC Calculator en ligne. [www.liverpool.ac.uk/~kempsj/pic.html](http://www.liverpool.ac.uk/~kempsj/pic.html).

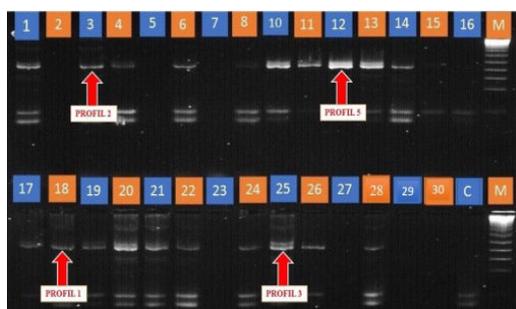
## 3. Résultats

### 3.1. Profils génétiques

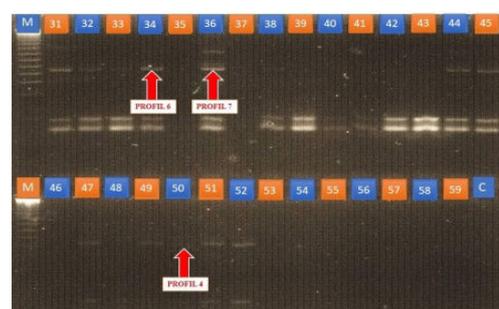
Au total 39 profils ont été obtenus à partir de l'analyse des 8 loci (tableau.1)

**Tableau.1** : Profils observés aux locus

Locus	Tgla137	Oarvh72	Bm827	Oarcp34	Cssm47	Oarjm8	Oarhh35	Tgla337	Total
Profil	3	3	8	7	3	5	8	2	39



**Image 1** : Les profils (1,2,3,5) du locus Bm827



**Image 2** : Les profils (4,6,7) du locus Bm827

### 3.2. Caractéristiques moléculaires des loci

Les caractéristiques moléculaires des loci a concerné le nombre d'allèles, la taille des paires de base (pb), les fréquences alléliques, les hétérozygoties et le polymorphisme information content PIC (tableau.2).

**Tableau.2** : caractéristiques moléculaires des loci analysés

Loci	Nombres d'allèles	Allèles (pb)	Fréquences alléliques	Hétérozygotie	PIC
Tgla137	3	150	0,46	0,55	0,46
		190	0,47		
		240	0,07		
Oarvh72	2	114	0,67	0,44	0,34
		145	0,33		
Bm827	5	208	0,41	0,69	0,64
		224	0,30		
		237	0,19		
		250	0,09		
		360	0,01		
Oarcp34	4	50	0,79	0,36	0,34
		113	0,11		
		134	0,04		
		150	0,06		
Csm47	2	28	0,5	0,5	0,37
		42	0,5		
Oarjm8	3	50	0,52	0,57	0,49
		36	0,37		
		9	0,09		
Oarhh35	4	32	0,58	0,66	0,61
		9	0,17		
		9	0,16		
		5	0,09		
Tgla337	2	14	0,5	0,5	0,37
		14	0,5		
Moyennes	3.2	92,22	0,32	0,53	0,46

PIC : Polymorphism Information Content pb : paire de base

### 3.3. Allèles identifiés

Les allèles identifiés sont au nombre de 7 avec une fréquence élevée pour l'allèle A

### 3.4. Génotypes identifiés

Au total, 8 génotypes ont été identifiés et le plus fréquent a été AB1

## 4. Discussion

Au total, 7 allèles et 8 génotypes ont été obtenus à l'issue des analyses génétiques de 8 loci avec un PIC moyen de 0,46. Ce résultat diffère de celui obtenu par Arora et Bhatia, (2006) sur les moutons Magra, qui ont eu 4 allèles pour une hétérozygotie de 0,60 et un PIC de 0,53. De même, Soheir et *al.* 2008 ont obtenu plus de polymorphisme avec Tgla137 sur trois races d'Égypte (Barki, Ossimi, Rahmani) soit respectivement 10, 7, 10 allèles.

Les profils génétiques ont été au total de 39 avec 1 profil nul commun ne possédant pas de site de fixation correspondant à aucun des huit loci utilisés.

Le locus Tgla137 a présenté 3 profils, 3 allèles de tailles respectives 150 bp, 190 bp, 240 bp ; soit une hétérozygotie de 0,55 pour un PIC de 0,46. Ce résultat diffère de celui obtenu par Arora et Bhatia, (2006) sur les moutons Magra, qui ont eu 4 allèles pour une hétérozygotie de 0,60 et un PIC de 0,53. De même, Soheir et *al.* 2008 ont obtenu le polymorphisme le plus élevé avec Tgla137 sur trois races d'Égypte (Barki Ossimi, Rahmani) soit respectivement 10, 7, 10 allèles ; (Soheir et *al.* 2008), Pramod et *al.* 2009 avec les moutons vembur (6 allèles, PIC 0,78, He 0,60) (Pramod et *al.* 2009), et Arora et *al.* (2010) avec les Ganjam (7 allèles He 0,81) (Arora et *al.* 2010).

Le locus Oarvh72 a donné 2 allèles de tailles respectives 114 bp, 145 bp avec une He de 0,44 et un PIC de 0,34. Tous les auteurs énumérés ont eu une diversité supérieure à celle-ci, les Magra (Arora et Bhatia, 2006), les races Barki, Ossimi, Rahmani (Soheir et *al.* 2008), les vembur (Pramod et *al.* 2009) etc.

Le locus Bm827 a révélé 5 allèles de tailles respectives 208 bp, 224 bp, 237 bp, 250 bp, 360 bp avec 8 profils génétiques. Son He et son PIC ont été respectivement 0,69 ; 0,64. Ces résultats sont similaires à ceux d'Arora et Bahtia, (2006). Les races telles que Barki (Soheir et *al.* 2008), Bajam (Arora et *al.* 2010) se sont montrées plus polymorphes que la race bali-bali sur ce locus. Cependant cette dernière a été plus polymorphe que les races Ossimi, Rahmani (Soheir et *al.* 2008), et Vembur (Pramod et *al.* 2009).

Le locus Oarcp34 a présenté 4 allèles (50 bp, 113 bp, 134 bp, 150 bp) avec une He de 0,36 pour un PIC de 0,34, l'allèle 50 bp a été le plus fréquent soit 0,76. Arora et Bahtia, (2006) ont obtenu les mêmes résultats. Pour Arranz et *al.* (2000) le nombre d'allèles observé a été de 6 à 7 allèles pour les six races et Soheir et *al.* (2008), 6 à 10 allèles par race. Blackburn et *al.* (2011) ont rapporté 8 allèles tandis que Hoda et *al.* (2012), 7 allèles. La race Vembur a été moins polymorphe que le Bali-bali sur ce locus (Pramod et *al.* 2009).

Le locus Casm47 a donné 2 allèles (28 bp et 48 bp) avec deux profils génétiques. L'hétérozygotie et le PIC ont été respectivement 0,50 et 0,37. Les auteurs suivants ont eu des

résultats différents : Arora et Bhatia, (2006), 4 allèles, He 0,32, PIC 0,34 ; Soheir et *al.* (2008) 4 à 6 allèles sur trois races ; Pramod et *al.* (2009), 6 allèles, He 0,27, PIC 0,54 ; Arora et *al.* (2010), 3 allèles. Ce locus a présenté un profil génétique hétérozygote d'allèles 28bp-48bp avec une fréquence de 0.82. Ces allèles se trouvent plus conservés chez les Bali-bali.

Le locus Oarjm8 a donné 3 allèles (50bp, 36bp et 9bp) avec cinq profils génétiques. L'hétérozygotie et le PIC ont été respectivement 0,57 et 0,49. Les auteurs suivants ont eu des résultats différents : Arora et Bhatia, (2006), 4 allèles, He 0,32, PIC 0,34 ; Soheir et *al.* (2008) 4 à 6 allèles sur trois races, Pramod et *al.* (2009) 6 allèles, He 0,27, PIC 0,54 et Arora et *al.* (2010), 3 allèles.

Le locus Oarhh35 a donné 4 allèles (32 ; 9 ; 9 et 5 bp) avec 8 profils génétiques. L'hétérozygotie et le PIC ont été respectivement 0,66 et 0,61. Les auteurs suivants ont eu des résultats différents : Arora et Bhatia, (2006) 4 allèles, He 0,32, PIC 0,34 ; Soheir et *al.* (2008) 4 à 6 allèles sur trois races, Pramod et *al.* (2009) 6 allèles, He 0,27, PIC 0,54 ; Arora et *al.* (2010) 3 allèles.

Le locus Tgla337 a donné 2 allèles (14bp et 14bp) avec deux profils génétiques. L'hétérozygotie et le PIC ont été respectivement 0,50 et 0,37. Les auteurs suivants ont eu des résultats différents : Arora et Bhatia, (2006) 4 allèles, He 0,32, PIC 0,34 ; Soheir et *al.* (2008) 4 à 6 allèles sur trois races, Pramod et *al.* (2009) 6 allèles, He 0,27, PIC 0,54 ; Arora et *al.* (2010) 3 allèles.

De cette étude, les moutons Bali-bali ont montré une diversité génétique moyenne. Elle offre une meilleure résistance aux aléas climatiques, assurer sa pérennité avec une bonne capacité de résilience. Pour l'étude de la diversité génétique, les marqueurs microsatellites sont d'une grande importance ; faisant parties des marqueurs d'ADN, les microsatellites sont les marqueurs d'ADN les plus utilisées dans les études de caractérisation génétique et cela à cause de leur niveau de polymorphisme élevé. La variabilité génétique chez le mouton Balibali peut s'expliquer par un manque d'homogénéité de la race due certainement à des croisements avec d'autres races sahéliennes de la même aire géographique. Une caractérisation génétique approfondie sur plus loci (Ahmed et *al.* 2014) avec un nombre d'échantillons élevé au sein de la race permettra de confirmer les résultats obtenus en Station.

## 5. Conclusion

Cette étude sur la caractérisation génétique du mouton Bali-bali a permis d'identifier au total 7 allèles. Trente-neuf (39) profils génétiques, un profil nul commun aux huit loci. En outre, il a été constaté un niveau de conservation plus élevé du profil génétique 28bp-48bp (Csm47) chez les Bali-bali avec une fréquence de 0,82. Ce locus pourra être une caractéristique des moutons Bali-bali. Cette caractérisation moléculaire permettra de connaître certaines spécificités génétiques du mouton Balibali et de voir la possibilité d'une complémentarité avec d'autres races dans le cadre des programmes d'amélioration de la production de la viande et de lait.

## Références

Ahmed Z., et al., 2014: Genetic diversity analysis of kail sheep by using microsatellite markers, *Journal of Animal & Plant Sciences*, 24(5): 1329-1333

Amigues Y. et al., 2000 : Utilisation de marqueurs génétiques en sélection : les activités du LABOGENA, *INRAE Productions Animales*, 13(HS) : 203-210.

Anila H. et Paolo A. M. 2012: Genetic Characterization of Albanian Sheep Breeds by Microsatellite Markers, *Analysis of Genetic Variation in Animals*, Prof. Mahmut Caliskan (Ed.) ISBN 978-953-51-0093-5

Arora R. et Bhatia S. 2006: Genetic Diversity of Magra Sheep from India Using Microsatellite Analysis, *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 19 (7): 938-942.

Arora R., Bhatia S. et Jain A. 2010: Morphological and genetic characterization of Ganjam sheep. *Animal Genetic Resources*, 46, 1-9.

Arranz J.J. et al., 2000: Genetic variation at microsatellite loci in Spanish sheep, *Small Ruminant Research* 39 (2001):3-10.

Baguiri F. B. 2013 : Evaluation des performances de croissance des ovins de race Balibali en embouche ovine au Sud du Bénin. Licence Prof. Université d'Abomey Calavi, Bénin .45 p.

Blackburn H. D. et al., 2011: Genetic structure and diversity among sheep breeds in the United States: Identification of the major gene pools, *J ANIM SCI.* 89: 2336-2348.

DNPIA (Direction Nationale des Productions et des Industries Animale) 2021 : *Rapport national sur les ressources génétiques animales au Mali* : 151 p.

Pramod S. et al., 2009: Molecular characterization of vembur sheep (*Ovis aries*) of south India based on microsatellites. *Indian Journal of Science and Technology* 2(11): 55-58

Soheir M. E. et al., 2008: Analysis of genetic variation in different sheep breeds using microsatellites. *African Journal of Biotechnology* 7(8): 1060-1068.

University of Liverpool. *PIC calculator* [En ligne].

Disponible sur: <https://www.liverpool.ac.uk/~kempsj/pic.html>[Page consultee le 09/10/2016].

..

:-