

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
République Algérienne Démocratique et Populaire
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
المدرسة الوطنية العليا للزراعة – المواش – الجزائر
Ecole Nationale Supérieure Agronomique El Harrach – Alger

Département : Productions animales

Thèse

En vue de l'obtention du diplôme de Doctorat en Sciences Agronomiques

Sujet

Caractéristiques morphogénétiques et performances zootechniques de la race ovine «TAZEGZAWT » endémique de la Kabylie

Présentée par : El Bouyahiaoui Rachid

Président : **M. IKHLEF A** Professeur (E.N.S.A., EL Harrach)
Directeur de Thèse : **M. ARBOUCHE F** Professeur (Université d'Adrar)
Co-directeur de Thèse : **M. GHOZLANE F** Professeur (E.N.S.A., EL Harrach)
Examineur : **M. BENYOUCEF M.T** Professeur (E.N.S.A., EL Harrach)
Examineur : **M. GAOUAR S.B.S** Maître de conférences A (Université de Tlemcen)
Examineur : **M. ABBAS K** Directeur de recherche (INRAA)

Année universitaire : 2016-2017

REMERCIEMENTS

C'est avec un immense plaisir que je réserve ces lignes en signe de gratitude et de profonde reconnaissance à tous ceux qui, de près ou de loin, ont contribué à la réalisation et à l'aboutissement de ce modeste travail.

Avant tout, je remercie " Allah " le tout puissant pour m'avoir aidé et m'avoir donné le courage et la force dans les moments les plus difficiles et les plus dures que j'ai traversé au cours de la réalisation de mes activités de recherche.

Je tiens tout d'abord à remercier Pr. Arbouche Fodil, Enseignant chercheur à l'Université Africaine d'Adrar, d'avoir accepté de diriger ma thèse et de m'avoir aidé à choisir la voie scientifique que je suis actuellement et mon co-directeur, Pr. Ghozlane Fayssal, Enseignant chercheur à l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique (ENSA, ex : INA) pour m'avoir accompagné pendant ces années de passionnantes recherches. Merci pour vos conseils, votre gentillesse, et pour la relecture de ma thèse.

J'exprime ma profonde gratitude à monsieur Ikhlef Ahcène, Professeur à l'ENSA, qui a honoré notre travail en acceptant la présidence du jury.

Mes remerciements s'adressent aux membres du jury qui ont apporté tous leurs soins dans l'évaluation de ce travail :

Monsieur Benyoucef Mohamed Tahar, Professeur à l'ENSA, d'avoir eu l'amabilité d'accepter d'examiner ce travail.

Monsieur Abbas Khaled, Directeur de Recherche en Productions Animales à l'INRAA, pour l'honneur qu'il me fait d'être dans mon jury de thèse. Ainsi que pour ses conseils et ses encouragements qui ne m'ont jamais fait défaut. Veuillez accepter Monsieur le témoignage de ma gratitude et de mon profond respect.

J'adresse un remerciement et une reconnaissance exceptionnelle au Dr. Gaouar Semir Bechir Suheil, Maître de Conférence à l'Université Abou Bekr Bêlkaid de Tlemcen, pour

avoir accepté de participer à mon jury de thèse et pour sa participation scientifique précieuse ainsi que le temps qu'il a consacré à ma recherche.

Je remercie le Directeur de l'ENSA, pour avoir accepté mon inscription en thèse à cette prestigieuse Ecole.

Je remercie le Directeur de l'INRAA, Pr. Chehat Foued, pour ses encouragements et pour l'intérêt croissant porté pour cette étude. Dès son arrivé à la tête de cette institution, il a placé la « sauvegarde du patrimoine génétique nationale » en priorité dans sa stratégie national de recherche.

Je remercie la Direction Générale de la Recherche Scientifique et du Développement Technologique (DGRSDT) pour avoir financé une partie des activités de recherche de ma thèse.

J'adresse aussi mes remerciements les plus sincères au Recteur de l'Université Abou Bekr Belkaid de Tlemcen et au Responsable du laboratoire de recherche de Physiopathologie, biochimie et nutrition (PpBioNut) pour avoir mis à notre disposition l'infrastructure et le matériel du Laboratoire.

Je tiens à remercier le Responsable du «McGill University and Genome Québec innovation center – Canada » pour la bonne réalisation de la partie moléculaire.

Je souhaiterais exprimer ma gratitude au Dr. Bensalem Mounira , Enseignante chercheur au Département des Sciences Vétérinaire, Institut des Sciences Agronomiques et Vétérinaires de l'Université de Souk Ahras pour l'aide précieuse qu'elle m'a apportée pour la réalisation de quelques analyses.

Je tiens également à remercier les personnes qui m'ont accordé de leur temps et de leur attention en particulier : Dr. Djaout Amel, Pr. Iguer-Ouada Mokrane, M. Moulla Farid, M. Bentrhoua Amine, M. Bellahreche Ahmed et Mme. Blama Aicha.

Je souhaite exprimer mes remerciements les plus chaleureux au Directeur et au personnel de la station expérimentale de l'INRAA Oued Ghir (Bejaïa) pour leur aide précieuse dans les différentes opérations de recherche réalisées.

Mon travail de recherche sur le terrain a été particulièrement facilité par des personnes ressources que je tiens à exprimer tout particulièrement ma reconnaissance à : M. Mansouri Hamannou, M. Mouhousse Madani, M. Hocine Oussalah, Djait Nacer, les délégués communaux et les personnels des subdivisions agricoles d'Akbou et de Bouzeguène.

Mes remerciements s'adressent également aux chercheurs du CITA Saragosse (Espagne) pour leur contribution scientifique : Drs. Jose Folch, Jose Luis Alabart, Fernando Muñoz et Belen Lahoz.

Il m'est impossible d'oublier l'aide du Directeur du Complexe Agro-Alimentaire (CAA) d'El Kseur, du Directeur de l'ONAB d'El Kseur et du Directeur Général de l'ITELV Dr. Boudjenah Ahmed.

Enfin, un grand merci à celle qui partage ma vie. Merci de m'avoir supporté dans les moments plus difficiles, de m'avoir épaulée pendant ces années. Merci de ta présence et de ton soutien indéfectible !

EL BOUYAHIAOUI Rachid



[Handwritten signature]

DEDICACE

*Afin d'être reconnaissant envers ceux et celles qui m'ont appuyé
et encouragé à effectuer ce travail de recherche, je dédie ce
mémoire:*

*A ma regrettée maman que j'ai perdu à mi-parcours du présent
travail*

*A ma très chère femme et mes chers enfants
Fares, Abdelmalik et Yamanda,*

A mon père et mes beaux parents,

A mes sœurs et leurs enfants

A toute ma famille et ma belle famille réunies,

A tous ceux que j'aime.

RESUME

La présente étude est menée sur la caractérisation morphogénétique et performances zootechniques de la race ovine locale à petit effectif Tazegzawt. Au total 45 animaux adultes ayant un âge moyen de $2,89 \pm 0,87$ an, dont 36 femelles et 9 mâles répartis sur 6 communes de Bejaïa et Tizi Ouzou ont fait l'objet de mesures et de description phénotypique. 9 caractères qualitatifs et 7 mensurations réalisées ont été étudiés pour comparer des groupes d'animaux de cette race ayant certaines caractéristiques phénotypiques en commun et d'autres différentes. Les variables quantitatives ont été traitées par l'ACP et les variables qualitatives par l'ACFM et CAH, les données ont été soumises aussi à une analyse de la variance afin de déterminer la différence des paramètres étudiés chez les individus selon le sexe, l'âge et la région. Quant au poids vif adulte, les résultats ont été obtenus chez 26 brebis et 8 béliers du troupeau expérimental de la station de recherche INRAA Oued Ghir (Bejaïa). Les particularités phénotypiques qui caractérisent les individus de race la Tazegzawt sont : la présence de pigmentations noires avec reflets bleuâtres autour des yeux, au niveau du museau et au niveau du lobe inférieur des oreilles. L'autre spécificité observée chez la majorité des sujets est la présence de tâches bleues au niveau de la partie antérieure de la langue. Néanmoins, l'étude des caractères qualitatifs a permis de déterminer une variabilité morphologique concernant les pendeloques, les pigmentations noires au niveau du paturon et la présence des cornes chez les mâles. Les mensurations corporelles considérées confirment le dimorphisme sexuel avec des valeurs de poids corporel plus élevées chez le mâle ($78,55 \pm 12,33$ kg) que chez la femelle ($54,60 \pm 3,91$ kg). La taille moyenne au garrot chez la brebis est de 79 ± 5 cm et 87 ± 6 cm chez le bélier. Les variables quantitatives sont presque les mêmes au niveau des 6 communes étudiées, ce qui indique qu'il existe une homogénéité entre les troupeaux dans la région d'origine de la Tazegzawt.

Pour la caractérisation génétique, 6 (six) spécimens non apparentés ont été génotypés à l'aide de la puce à ADN Illumina BeadChip OvineSNP50k (Illumina, Inc.) qui contient 54 241 marqueurs SNP. Les résultats obtenus ont montré que les marqueurs SNP utilisés étaient polymorphes à 83%. Toutefois, le nombre moyen d'allèles par locus estimé est faible (1,60), dû probablement à la taille limitée de la race étudiée. Aussi, une variabilité relativement faible est observée au sein de la race qui a présenté une valeur d'hétérozygotie attendu ($H_e = 0,33 \pm 0,16$) indiquant que la race Tazegzawt est homogène, dû probablement à l'absence du flux génétique entre les élevages. L'indice de fixation (F_{IS}) obtenu dans cette étude est positif plus ou moins élevé de l'ordre de 0,071. Cette valeur obtenue traduit un déficit d'individus hétérozygotes montrant par conséquent un niveau d'endogamie assez élevé. La matrice des distances génétiques dans l'étude de la diversité génétique inter-populations a montré une différenciation plus ou moins élevées (0,068 - 0,109) entre la race Tazegzawt et les autres populations ovines Algériennes prises deux à deux. L'originalité de la race Tazegzawt a été démontrée par l'analyse MDS (Multidimensional scaling), ce qui lève l'ambiguïté liée à son origine qui stipule que cette race est un rameau de la population Ouled Djellal. Egalement, les analyses complémentaires de structuration génétique (bayésienne de groupement et phylogénétique) entre la race Tazegzawt et les autres races ovines locales (Ouled Djellal, Rembi, Hamra, D'men, Berbère, Barbarine et Sidaoun) donnent des informations plus précises sur les relations entre ces différentes races, et montrent l'éloignement du degré de parenté.

L'étude des performances zootechniques a été conduite sur des animaux élevés dans la station de recherche de l'INRAA Oued Ghir (Bejaïa). En effet, le taux de fertilité enregistré chez cette race dans les bonnes conditions d'élevage est en moyenne de 86,96 % et 81,48 %, la taille de portée à la naissance des brebis est en moyenne de 1,6 et 1,4 agneaux durant la lutte d'automne des années 2013 et 2014, respectivement. Quant au contrôle des performances de croissance, 52 individus (25 agneaux et 27 agnelles) nés au printemps ont été concernés par cette étude. Le poids vif moyen à la

naissance des agneaux, recueillis sur une période de deux années consécutives est de $4,72 \pm 0,92$ kg, il varie de 2,3 à 6,3 kg en fonction de la taille de la portée indépendamment du sexe. Les poids moyens des agneaux sont de $7,22 \pm 1,27$ kg, $12,17 \pm 2,18$ kg, $21,63 \pm 3,02$ kg et $25,80 \pm 3,69$ kg, respectivement à 10, à 30, à 70 et à 90 jours. Dans les conditions d'élevage favorables, cette race atteint un poids moyen post sevrage (âge à 180 jours) voisin de $37,08 \pm 5,16$ kg. Les performances moyennes de croissance de cette race sont de $247,48 \pm 72,45$ g/j en GMQ naissance - 10j et puis diminue avec l'âge pour atteindre $208,64 \pm 86,20$ g/j en GMQ 70-90j. La laine de cette race est relativement dense, homogène et bien tassée, les fibres de longueur moyenne (8-9 cm) et peu jarreuse. La brebis Tazegzawt produit environ $2,51 \pm 0,85$ kg et $2,28 \pm 0,80$ kg de laine par an pour les années 2012 et 2013, respectivement, alors que le mâle produit $3,39 \pm 0,88$ kg et $3,60 \pm 0,25$ kg pour les mêmes années, respectivement. Globalement, la finesse de fibre de laine du mouton Tazegzawt oscille entre 44 et 55 μm avec des moyennes de $47,47 \pm 3,87$ μm et de $49,08 \pm 2,81$ μm enregistrées en 2012 et 2013, respectivement.

Mots clés : *racés ovines, diversité génétique, caractérisation phénotypique, caractérisation moléculaire, SNP, performances zootechniques*

SUMMARY

The present study was conducted to determine the morpho-genetic characterization and zootechnical performance of the Tazegzawt local sheep breed at small numbers. In total of 45 adult animals who have an average age of 2.89 ± 0.87 years, including 36 females and 9 males in 6 municipality were measured and described. 9 qualitative characters and 7 measurements traits were performed: to compare animals of this breed which have similar or different phenotypic characteristics. The quantitative variables were treated by the PCA (Principal Component Analysis) and the qualitative variables by the MCA (Multiple Correspondence Analysis) and HAC (Hierarchical Ascendant Classification), the data were also subjected to an analysis of the variance to determine the difference of the parameters studied in the individuals by the sex, Age and region. The body weight, was obtained only in 26 ewes and 8 rams of the experimental herd of the research station INRAA wadi Ghir (Bejaïa). Specific phenotypic traits that characterize the Tazegzawt breed are: black pigmentation with bluish tinge around the eyes and nose and in inferior lobe of the ears. The presence of blue spots at the anterior part of the tongue is another specific character in the majority of animals of this breed. In fact, the study of qualitative traits was determined morphological variability in this breed with presence of drops, black pigmentations at the pastern and big horns in rams. The body measurements showed the sexual dimorphism with high body weight in males (78.55 ± 12.33 kg) than in females (54.60 ± 3.91 kg). The review of data on all performed linear measurements indicate that the sheep Tazegzawt have a great template. The average height at the withers in ewes is 79 ± 5 cm and 87 ± 6 cm in rams. Quantitative variables are almost the same at the 6 municipalities studied, indicating that there is homogeneity between herds in the region of origin of the Tazegzawt.

For the genetic characterization of the Tazegzawt breed, 6 (six) specimens sample of Unrelated individuals were genotyped at 54 241 SNP using the *OvineSNP50 BeadChip* (Illumina, Inc.). The results showed that SNP markers used were polymorphic at 83%. However, the average number of alleles per locus is low (1.60), probably due to the limited size of the study population (about 300 head in the region). Also, a low relatively variability was observed in the breed which presented an expected heterozygosity value ($He = 0.33 \pm 0.16$) explain that the Tazegzawt breed was homogeneous, probably due to the absence of genetic drift between breedings. The fixation index (FIS) value obtained in this study is positive more or less than 0.071. This value indicates a Heterozygous deficiency explain high level of inbreeding. The matrix of genetic distances between-populations showed a genetic diversity more or less high (0.068 to 0.109) between the Tazegzawt breed and other Algerian sheep populations taken in pairs. The originality of the Tazegzawt breed was demonstrated by the analysis MDS (Multidimensional Scaling), which delete the ambiguity related to its origin, which provide that this breed is a branch of the Ouled Djellal population. Also, the additional analysis of genetic structure (grouping and Bayesian phylogenetic) between Tazegzawt breed and other local sheep breeds (Ouled Djellal, Rembi, Hamra, D'men, Berber, Barbarine and Sidaoun) gives more precise information on relations between different breeds, and the distance between degrees of kinship.

The study of zootechnical performance was conducted on animals raised in the research station of the research station INRAA wadi ghir. Indeed, the fertility rate recorded in this breed in the good breeding conditions was on average of 86.96% and 81.48%, the size of ewes at birth was on averages of 1.6 and 1.4 lambs during the autumn breeding of 2013 and 2014, respectively. For the control of growth performance, 52 lambs (25 males and 27 females) born in spring were included in this study. The animals are raised in permanent housing. The weight types ages (WTA) of 10, 30, 70, 90 and 180 days were taken to characterize the various phases of the growth of lambs. From the

weights at different ages, and the average daily gain (ADG 0-10d, ADG 10-30d, ADG 30-70d, ADG 70-90d and ADG 90-180d) were calculated. The average lambs weight at birth, collected in two years (2013 and 2014) was 4.72 ± 0.92 kg, it varies from 2.3 to 6.3 kg depending on the size of the ewe and the sex. The average weights of lambs are 7.22 ± 1.27 kg, 12.17 ± 2.18 kg, 3.02 kg and $21.63 \pm 25.80 \pm 3.69$ kg, respectively 10, 30, 70 and 90 days. In favorable breeding conditions, this breed achieved an average weight post weaning (age 180 days) near to 37.08 ± 5.16 kg. The average performance of growth of this breed were 247.48 ± 72.45 g/d ADG birth– 10d and decreases with age to achieved 208.64 ± 86.20 g/d in ADG 70-90d. The wool of this breed is relatively dense, homogeneous and firmly packed (closely spaced fibers), medium length (8-9 cm). The Tazegzawt sheep produces about 2.51 ± 0.85 kg and 2.28 ± 0.80 kg of wool per year in 2012 and 2013, respectively, while the male produced 3.39 ± 0.88 kg and 3.60 ± 0.25 kg in the same years, respectively. Overall, the wool fiber fineness ranges from 44 to 55 microns with an average of 47.47 ± 3.87 microns and 49.08 ± 2.81 microns recorded in 2012 and 2013, respectively.

Keywords: *sheep breeds, genetic diversity, phenotypic characterization, molecular characterization, SNP, zootechnical performances*

الملخص

أجريت هذه	التوصيف المورفوجيني	المحلية،	الصغيرة
45.	أعمارهم 0.87 ± 2.89	36	6 بلديات
هذه	وصف النمط الظاهري 9.	نوعية 7 قياسات	أجريت
الحيوانات لهذه السلالة، التي لها	المظهرية	وتحليل	البيانات لتحليل
المتغيرات لتحديد	بين	للقدر على التوصيف الشكلي لها .	تمايزي لتحديد
تميزاً،	للقطيع التجريبي	غير (بجاية) للمعهد	
26	8		
	المظهرية		
العينين،	الأذنين خصوصية	هي	
بينما	النوعية سمحت بتحديد التنوع		
	قياسات .		ويشمل
	12.33 ± 78.55	3.91 ± 54.60	هو $5 \pm$
79	نتائج القياسات البيومترية لأفراد في هذه الدراسة تتغير مع الجنس، أما عامل الموقع		
6 ± 87	يمكن له تأثير كبير. المتغيرات الكمية هي نفسها تقريباً في البلديات الست	لهذا	بين
	الأصلية	هناك	

للتوصيف الجيني 6 عينات من هذه السلالة ليست لها علاقة قرابة باستخدام شريحة الحمض (Chip Ovine SNP50k Bead) SNP 54 241. أظهرت النتائج أن علامات SNP 83 . متوسط عدد الأليل في الموقع على الصبغي هو 1.60 بما يرجع ذلك إلى الأعداد المحدودة لهذه السلالة. كما لوحظ تنوع ضئيل نسبياً بين أفراد السلالة ($0.16 \pm 0.33 = He$) مما يدل على أن 'زاوث' متجانسة، ربما يرجع ذلك لعدم وجود تبادل جيني بين المربين. مؤشر التثبيت (Fis) عليه، موجب ومرتفع نسبياً (0.071). القيمة التي تم الحصول عليها تشير إلى نقص في أفراد متخالفة اللواقح نتيجة للتزاوج الداخلي. أظهرت مصفوفة المسافات الجينية في دراسة التنوع الجيني بين السلالات المحلية، تمايزاً مرتفعاً نسبياً بين 'تاز زاوث' وغيرها من الأغنام الجزائرية الأخرى طريق الثنائية (0.068-0.109). فقد برهنت أصالة 'زاوث' من خلال تحليل (القياس المتعدد الأبعاد)، الذي يزيل الغموض المتعلق بأصله الذي ينص على أن هذا السلالة هي فرع من أفراد أولاد جلال. أيضاً، وللتعمق في تحليل التركيبة الجينية بين 'تاز زاوث' وغيرها من سلالات الأغنام المحلية (أولاد جلال، الرانبي، الحمراء، البربارين، سيداون)، أعطى معلومات أكثر دقة عن العلاقات بين تلفة، والتي تظهر أن هناك تباعد في درجة القرابة.

أجريت دراسة على المردود الحيواني لسلالة 'تاز زاوث' على حيوانات تجريبية في محطة الأبحاث بوادي غير. أظهرت

1.6	1.4	أثناء مرحلة السفاد/ التزاوج الخريفي لسنتي 2013 2014
52	25	27 حملة/ ابوي) ولدوا في ربيع عامي 2013 2014
		مدار سنتين متتاليتين هو 0.92 ± 4.72 كلغ، فإنه يتراوح ما بين 2,3-6,3
		2.18 ± 12.17 1.27 ± 7.22
		3.02 ± 63.21 3.69 ± 25.80
		للتكاثر، يصل متوسط وزن هذه السلالة (180 يوماً) 5.16 ± 37.08
		هو 72.45 ± 247.48 غ/ اليوم بين الولادة واليوم العاشر ثم يتناقص مع التقدم في السن ليصل إلى 86.20 ± 208.64
		/ اليوم ما بين سن 70-90 يوم. فيما يخص نوعية صوفها فهي كثيفة نسبياً، متجانسة ومعبأة بشكل جيد، متوسط
		الألياف (8-9) .
		0.85 ± 2.51 0.80 ± 2.28 من الصوف سنوياً لسنتي
		0.25 ± 3.60 0.88 ± 3.39 الذكور
		التوالي. قطر ألياف الصوف بين 44 55 ميكرون.

كلمات المفاتيح: سلالات الأغنام، التنوع الوراثي، التوصيف المظهري، التوصيف الجيني، SNP ، المردود الحيواني.

PRODUCTION SCIENTIFIQUE

Ce travail de thèse a fait l'objet de deux publications et des communications orales nationales et internationales suivantes :

Publications

R El Bouyahiaoui, F Arbouche , F Ghozlane, F Moulla, B Belkheir, A Bentrhoua , H Hidra, H Mansouri, M Iguer Ouada, , A Bellahreche, A Djaout. 2015. Répartition et phénotype de la race ovine Bleue de Kabylie ou Tazegzawt (Algérie). Livestock Research for Rural Development 27 (10) 2015

<http://www.lrrd.org/lrrd27/10/arbo27214.html>

Gaouar S B S., Lafri M., Djaout A., **El-Bouyahiaoui R.**, Bouri A., Bouchatal A., Maftah A., Ciani E and Da Silva A B., 2017. Genome-wide analysis highlights genetic dilution in Algerian sheep. Heredity, 118, 293–301

<http://www.nature.com/hdy/journal/v118/n3/full/hdy201686a.html>

Communications orales

El Bouyahiaoui R , Moulla F , Belkheir B, Bentrhoua A, Hidra H , Belkheir N, Harek D, Mansouri H ,Iguer ouada M. Contribution à l'étude d'une population ovine locale en péril : Le mouton de la Kabylie « Tazegzawt ». Les 11èmes Journées Internationales des Sciences Vétérinaires. 30 novembre et 01 décembre 2013. ENSV (Algérie).

El Bouyahiaoui R , Moulla F , Belkheir B, Bentrhoua A, Hidra H , Belkheir N, Harek D, Mansouri H ,Iguer ouada M. Valorisation d'une race autochtone à petit effectif : exemple de la race bleue de la Kabylie "Tazegzawt". Workshop national sur la valorisation des races locales ovines et caprines à faibles effectifs. 2 et 3 Mars 2015. INRAA (Algérie)

El Bouyahiaoui R , Moulla F , Belkheir B, Bentrhoua A, Hidra H , Belkheir N, Mansouri H ,Iguer ouada M. Conservation et gestion des races ovines locales à faibles effectifs : Cas de la race bleue de la Kabylie « Tazegzawt ». 1^{er} Workshop International sur la gestion des ressources génétiques animales. 17 au 19 mai 2015. Université de Tlemcen (Algérie)

Communication affichée

Deuxième salon national de l'élevage et de la production laitière - la surface du Lac de la ville de Bejaïa – Octobre 2012

La grande exposition du monde agricole et rural SAFEX , 18- 24 février 2013

TABLE DES MATIERES

Liste des figures	I
Liste des tableaux	III
Liste des annexes	IV
Liste des abréviations	V
INTRODUCTION GENERALE	1
PREMIERE PARTIE : REVUE BIBLIOGRAPHIQUE	4
CHAPITRE I : IDENTITE DES OVINS	5
1. Place des ovins dans le règne animal	5
2. Origine et évolution du mouton (<i>Ovis aries</i>)	6
3. Domestication du mouton	8
4. Morphologie générale du mouton	10
5. Génome Ovin	12
CHAPITRE II : IMPORTANCE DE L'ELEVAGE OVIN ET SYSTEMES DE PRODUCTION EN ALGERIE	13
1. Historique du mouton en Algérie.....	13
2. L'effectif ovin et son évolution	15
3. Importance socio-économique.....	16
4. Les races ovines algériennes	18
4.1. Races principales	18
4.1.1. Race Ouled Djellal	18
4.1.2. Race Hamra (dite Deghma en Algérie)	20
4.1.3. Race Rembi	22
4.1.4. Race Taādmit	23
4.2. Races secondaires	24
4.2.1. Race D'Men	24
4.2.2. Race Sidaoun	26
4.2.3. Race Berbère	27
4.2.4. Race Barbarine	28
5. Répartition géographique des races ovines algériennes	30
6. Systèmes de production	33
CHAPITRE III : BIODIVERSITE ET RESSOURCES GENETIQUES ANIMALE	34
1. Définition de la biodiversité	34
2. Situation mondiale de la biodiversité des ressources génétiques animales	35
3. Importance de la biodiversité des animaux d'élevage	42
CHAPITRE IV : METHODES DE CARACTERISATION DES ANIMAUX D'ELEVAGE	43
1. Enquêtes de terrain	44
2. Méthode morphobiométrique	45
3. Méthodes immunogénétique ou biochimique	45
3.1. Groupes sanguins	45
3.2. Protéines du sang	45
4. Méthodes cytogénétiques	46
5. Méthodes moléculaires	47
5.1. Définition d'un marqueur génétique	47
5.2. Marqueurs d'ADN mitochondrial	48

5.3. Marqueurs du Polymorphisme de Longueur des Fragments de Restriction (RFLP)	48
5.4. Marqueurs d'Amplification Aléatoire d'ADN Polymorphe (RAPD) .	49
5.5. Marqueurs du Polymorphisme de Longueur des Fragments Amplifiés (AFLP)	49
5.6. Marqueurs Minisatellite	50
5.7. Marqueurs microsattellites	50
5.8. Marqueurs du Polymorphisme de simple nucléotide (SNP)	52
DEUXIEME PARTIE : ANALYSE SOCIOECONOMIQUE DES EXPLOITATIONS D'ELEVAGE DU MOUTON TAZEGZAWT	55
CHAPITRE I : CADRE GENERAL DE L'ETUDE	56
1. Présentation de la zone d'étude	56
1.1. Situation géographique	56
1.2. Relief	57
1.3. Climat	57
1.4. Agriculture et élevage	57
CHAPITRE II : CARACTERISATION DES EXPLOITATIONS D'ELEVAGE	59
1. Démarche de l'étude	59
2. Collecte des données	59
CHAPITRE III : RESULTATS DE L'ETUDE	60
1. Identification des éleveurs de mouton Tazegzawt	60
2. Description générale des exploitations d'élevage enquêtées	61
3. Types d'élevages identifiés	61
TROISIEME PARTIE : REPARTITION GEOGRAPHIQUE ET CARACTERISATION PHENOTYPIQUE DE LA RACE TAZEGZAWT	65
CHAPITRE I : MATERIEL ET METHODE	66
1. Zone d'étude et animaux	66
2. Répartition géographique	66
3. Caractérisation morphobiométrique	67
3.1. Caractères qualitatifs ou ordinales	67
3.2. Poids vif et caractères quantitatifs ou mesurables	68
4. Analyse statistique	69
CHAPITRE II : RESULTATS ET DISCUSSION	70
1. Présentation et caractérisation de la race Tazegzawt	70
1.1. Origine et Historique de la race	70
1.2. Répartition géographique et effectifs de la race	70
1.3. Les caractères qualitatifs	72
1.4. Poids vif et mensurations corporelles	76
CONCLUSIONS DE LA TROISIEME PARTIE	83
QUATRIEME PARTIE : PREMIERS ESSAIS DE CARACTERISATION GENETIQUE DE LA RACE TAZEGZAWT	84
CHAPITRE I : OBJECTIFS DE L'ETUDE	85
CHAPITRE II : MATERIEL ET METHODES	85
1. Choix des échantillons	85

CHAPITRE II : RESULTATS ET DISCUSSION	111
1. Performances de reproduction	111
2. Performances de production	112
2.1. Poids et aptitude de croissance des agneaux	112
2.2. Caractéristiques de la laine du mouton Tazegzawt	123
3. Les pathologies infectieuses dominantes chez la race Tazegzawt	126
3.1. Les pathologies de l'appareil urinaire et des voies génitales du bélier	126
3.2. La mammite chez la brebis	127
4. Autres caractéristiques de la race	128
CONCLUSIONS DE LA CINQUIEME PARTIE	130
CONCLUSION GENERALE ET PERSPECTIVES	131
REFERENCES BIBLIOGRAHIQUES	135
ANNEXES	157

LISTE DES FIGURES

Figure 1 : Evolution et taxonomies des espèces sauvages du genre Ovis	7
Figure 2: Quelques moutons sauvages	9
Figure 3: Origine et répartition des espèces animales domestiques dans le Croissant Fertile	10
Figure 4: Morphologie du mouton	11
Figure 5a: Schéma représentant le caryotype du mouton	12
Figure 5b: Caryotype de mouton coloré au Giemsa	12
Figure 6: Race dite ovis longipes qui occupait le Sahara et le sud du Maghreb.....	15
Figure 7: Composition du cheptel national	15
Figure 8a: Bélier Ouled Djellal à Biskra	20
Figure 8b: Brebis Ouled Djellal à Biskra	20
Figure 9a: Bélier Hamra à l'ITELV Saïda	21
Figure 9b: Brebis Hamra à l'ITELV Saïda	21
Figure 10a: Bélier Rembi	23
Figure 10b: Brebis Rembi Mechria	23
Figure 11a: Béliers Taâdmit	24
Figure 11b: Brebis suitées Taâdmit	24
Figure 12a: Brebis D'Men	26
Figure 12b: Bélier D'Men	26
Figure 13a: Bélier Sidaoun à Djanet	27
Figure 13b: Bélier Sidaoun à Djanet	27
Figure 13c: Bélier Sidaoun à Djanet (Illizi)	27
Figure 13d: Brebis Sidaoun à Laghouat	27
Figure 14a: Bélier Berbère	28
Figure 14b: Brebis Berbère des montagnes de Bouhadjar	28
Figure 15a: Brebis Barbarine au Sahara	29
Figure 15b: Bélier Barbarine à l'ITELV d'Oued Souf Saïda	29
Figure 16: Aire de répartition des races ovines algériennes	32
Figure 17: Diversité des animaux d'élevage dans le monde	37
Figure 18: La variation SNP se produit quand un seul nucléotide est remplacé par un autre nucléotide	53
Figure 19: Carte administrative de la Wilaya de Bejaia et ses limites avec la zone d'étude	56
Figure 20a: Elevage en bergerie	62
Figure 20b: Elevage en semi bergerie	62
Figure 21: Elevage en plein air à Ait Ziki (Bouzeguène – Tizi Ouzou)	63
Figure 22: Canne toise graduée	67
Figure 23: Position des mensurations corporelles effectuées	68
Figures 24a et 24b: Pesée des animaux adultes à l'aide de la bascule	69
Figure 25: Localisation géographique des éleveurs de la race Tazegzawt	71
Figure 26a: Brebis Tazegzawt	73
Figure 26b: Bélier Tazegzawt	73
Figure 26c: Agneau et agnelle Tazegzawt	73
Figure 27: Présentation des variables par ACM	74
Figure 28: Représentation graphique des groupes identifiés par AFCM.....	75
Figure 29a: Pendeloques	75
Figure 29b: Pigmentations noires au niveau du paturon	75
Figure 29c: Tâches bleues au niveau de la langue	75
Figure 30: Présentation des variables par ACP	79

Figure 31: Représentation graphique des groupes identifiés par ACP	81
Figure 32: Prise d'échantillons de sang	86
Figure 33: Spectrophotomètre Thermo Scientific NanoDropTM8000	87
Figure 34: Puce Illumina BeadChipOvine SNP50	88
Figure 35: « Multidimensional Scaling analysis » (MDS) avec les huit races de moutons algériens	100
Figure 36: Résultats de l'analyse Bayésienne obtenus sur la base des scénarios K = 2 à 8 des huit races ovines Algériennes étudiées	101
Figure 37: Arbre phylogénétique entre les individus des races ovines Algériennes à partir des probabilités maximales (Maximum Likelihood- ML)	102
Figure 38: Peson dynamométrique utilisé pour la pesée	107
Figure 39: Mesure de la longueur de la fibre	108
Figures 40a et 40b: Quai de tonte	109
Figure 41: Evolution du poids moyen à âges type indépendamment du sexe	114
Figure 42: Evolution du poids moyen à âges type selon le sexe	117
Figure 43: Evolution de la croissance moyenne selon le sexe	117
Figure 44: Evolution du poids moyen à âges type selon le mode de naissance	120
Figure 45: Evolution de la croissance moyenne selon le mode de naissance	120
Figure 46: Laine du mouton de race Tazegzawt sur pied	123
Figure 47: Toison de Tazegzawt fraîchement tondu	124
Figure 48: Différentes couleurs de la laine après lavage du mouton Tazegzawt	125
Figure 49: Image microscopique optique d'un brin de laine à gros diamètre, d'aspect creux et alvéolé sans préparation (observée au grossissement x 400)	125
Figure 50: Image microscopique optique d'un brin de laine à fin diamètre, d'aspect plein sans préparation (observée au grossissement x 400)	126
Figure 51: Infection urinaire avec hernie scrotale et inguinale	127
Figure 52: Un pis atteint d'une mammite. Antibiothérapie intra-mammaire	128
Figures 53a, 53b et 53c: Forte relation mère-jeune chez la race Tazegzawt	129

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1: Evolution du cheptel ovin	16
Tableau 2: Exploitations d'éleveurs enquêtés	60
Tableau 3: Classes d'âge des animaux en fonction de la région et du sexe	66
Tableau 4: Poids vifs (kg) des animaux en fonction du sexe	77
Tableau 5: Mensurations corporelles des ovins Tazegzawt	77
Tableau 6: Effets des facteurs âge, région et sexe sur les variables biométriques ...	78
Tableau 7: Classification des animaux étudiés par ACP	79
Tableau 8: Principales caractéristiques habituelles des races ovines d'Algérie	82
Tableau 9: Estimations de la diversité génétique des huit races ovines locales	98
Tableau 10 : Valeurs de l'indice de paires F_{ST} (sous la diagonale) entre les sept races ovines Algériennes	99
Tableau 11: Principaux paramètres technico-économiques des troupeaux	112
Tableau 12: Poids moyens aux âges types et GMQ des agneaux indépendamment du sexe	114
Tableau 13: Poids moyens aux âges types et GMQ des agneaux selon le sexe	116
Tableau 14: Poids moyens aux âges types et GMQ des agneaux selon le mode de naissance	119
Tableau 15: Corrélation entre les paramètres étudiés	122
Tableau 16: Caractéristiques de la laine du mouton Tazegzawt	126
Tableau 17: Diamètre de la fibre	126

LISTE DES ANNEXES

Annexe 1 : Questionnaire d'enquête	158
Annexe 2 : Fiche descriptive individuelle ovin	166
Annexe 3 : Protocole d'extraction NaCl et préparation des solutions	169
Annexe 4 : Test ANOVA- Effet sexe	172
Annexe 5 : Test ANOVA-Mode de naissance	173

LISTE DES ABREVIATIONS

ADN : Acide Désoxyribo Nucléique

A, G, T, C : Adénine, Guanine, Thymine, Cytosine

CAA : Complexe Agro-alimentaire

CDB : Convention sur la diversité biologique

CNIAAG : Centre National d'Insémination Artificielle et d'Amélioration Génétique

CHU : Centre Hospitalo Universitaire

CNRS : Centre National de la Recherche Scientifique

COP : Conferences of the Parties

DAD-IS : Domestic Animal Diversity Information System

DSASI : Direction des Statistiques Agricoles et des Systèmes d'Information

EDTA : Ethylène Di-Amine Tétra-Acétique

ESRI : Environmental Systems Research Institute

ETC Group : Erosion, Technology and Concentration Group

FAO : Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture

FDPS : Ferme de Démonstration et de Production de Semence

GMQ : Gain Moyen Quotidien

ha : Hectare

IANOR : Institut Algérien de Normalisation

INRAA : Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie

INCT : Institut National de Cartographie et de Télédétection

ITELV : Institut Techniques des Elevages

j : jour

Kb : kilobases

MADR : Ministère de l'Agriculture et du Développement Rural

MADRPM : Ministère de l'Agriculture, du Développement Rural et des Pêches Maritimes

MATE : Ministère de l'Aménagement du Territoire et de l'Environnement

MATE/PNUD : Ministère de l'Aménagement du Territoire et de l'Environnement/Programme des Nations Unis pour le Développement

NaCl : Chlorure de sodium

NGS: Next-Generation Sequencing

nm : Nanomètre

R=DO : Rapport = Densité optique

RGAn : Ressources Génétiques Animales

ONAB : Office National d'Aliments de Bétails

ONG : Organisation Non-Gouvernementale

PAM : Plan d'action mondial pour les ressources zoogénétiques

PCR : Polymerase Chain Reaction

PIBA : Produit Intérieur Brute Agricole

Qx : Quintaux

SNP : Single Nucleotide Polymorphism

TEEB : The Economics of Ecosystems and Biodiversity

UA : Union Africaine

UA-BIRA : Bureau Interafricain des Ressources Animales de l'Union Africaine

UICN : Union Internationale pour la Conservation de la Nature

UV : Ultra-violet

UZ : Unité Zootechnique

INTRODUCTION GENERALE

INTRODUCTION GENERALE

Les ovins ont joué un rôle important dans l'histoire de l'humanité. Ils ont été parmi les premiers animaux domestiqués, et se sont révélés utiles pour l'alimentation de l'homme, en fournissant viande et lait. Leurs rôles étaient également primordiaux dans les foyers en utilisant les peaux et la laine pour la fabrication de vêtements. En Algérie, l'élevage des ovins, comme tous les pays du Maghreb, compte parmi les activités stratégiques les plus traditionnelles, il joue un rôle important aussi bien dans l'économie agricole nationale que pour les éleveurs offrant ainsi une réserve financière considérable. Le cheptel est constitué essentiellement de races locales rustiques réparti dans plusieurs régions du pays. C'est un élevage à double fin : viande et laine et de moindre importance le lait, bien qu'il représente une part non négligeable dans la production laitière nationale. On compte actuellement un cheptel ovin d'environ 27 807 734 têtes (**MADR/DSASI, 2014**) qui assurent une production de viande rouge d'environ 60% de la production nationale totale. Ce cheptel est composé de plusieurs races locales, Certaines d'entre elles à l'exemple des races Hamra, Taâdmit, D'men etc.) ont vu leurs effectifs diminuer dramatiquement ces dernières années, par divers facteurs responsables de la diminution de la variabilité génétique, accentuée essentiellement par le phénomène d'extension de la race Ouled Djellal, la plus prisée par les éleveurs, en raison de ses qualités bouchères remarquables et sa bonne conformation, et/ou soumises à des pratiques de croisements anarchiques. La dilution génétique causée par ces croisements est telle que certains races ovines locales ont perdu, pour une large part, leur originalité génétique, notamment la race Rembi (**Gaouar et al., 2015a ; Laoun et al., 2015**).

Actuellement, l'Algérie perd de plus en plus son patrimoine génétique ovin local (**Gaouar et al., 2015a**). La plupart des races menacées ne bénéficient que de peu d'activité de conservation ou de gestion durable, et le rythme de leur disparition est en nette augmentation. Quelques-unes de ces races ont été remarquablement étudiées, mais une grande majorité d'entre elles n'a fait l'objet que de peu d'investigations.

Qualifiant d'alarmant le taux de disparition des races d'animaux d'élevage, l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) a exhorté la communauté internationale à adopter un plan d'action mondial pour freiner l'érosion de la diversité des ressources génétiques animales (**FAO, 2007a**). Selon le « deuxième Rapport sur l'État des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde », publié par cette

organisation, près de 100 races d'animaux de ferme ont disparu entre 2000 et 2014, et 17 pour cent sont actuellement menacées d'extinction (**FAO, 2015b**).

Par ailleurs, il existe un autre type génétique à très faible effectif, signalé ces dernières années dans la région de la Kabylie (Tizi Ouzou et Bejaia), appelé communément par les éleveurs « Tazegzawt », ce qui signifie la couleur bleue en langue berbère. Il demeure à ce jour méconnu et ne figure même pas dans la nomenclature des races ovines algériennes, avec peu de références techniques. Les maigres informations récoltées au niveau des administrations agricoles locales sur celui-ci ne reflètent pas forcément la réalité. Selon notre propre perception de la situation de terrain, au travers des enquêtes que nous avons effectuées, sa pureté pourrait subir une altération, d'une part, par des croisements anarchiques, notamment avec la race blanche omniprésente dans la région et la menace de la consanguinité d'autre part. La conséquence serait, selon certains auteurs, une perte de variabilité génétique de la race au cours des générations (**Verrier, 1992**) et une baisse des performances zootechniques, notamment le ralentissement de la vitesse de croissance (**Wiener et Rouvier, 2009**).

Notre hypothèse formulée au départ de l'étude était que cette population n'est pas pure mais plutôt appartient à un rameau de race ovine blanche ou probablement serait issue de croisements divers. En soit, on pourrait avancer qu'il s'agit même d'une population de chèvre qu'une race ovine à part entière. Depuis 2011, s'est mis en place un travail de recherche pour donner un vrai standard à la race, garder un cheptel de race pure, valoriser ses produits et surtout permettra de donner des éléments de réponses aux hypothèses formulées. C'est ainsi que la caractérisation phénotypique, génétique et l'évaluation complète des aptitudes zootechniques de cette race menacée de disparition représente une étape indispensable, d'abord pour sa connaissance et ensuite pour la mise en œuvre de programmes de sa conservation.

L'approche retenue pour cette étude est la suivante :

- ✓ Inventaire et localisation des éleveurs et des animaux dans la région d'étude;
- ✓ Caractérisation des exploitations à travers des enquêtes;
- ✓ Description phénotypique et mesures des caractères morphologiques externes de l'animal au travers d'une analyse multi variée discriminante ;
- ✓ Caractérisation génétique moléculaire en utilisant les marqueurs moléculaires SNP ;
- ✓ Connaissance des aptitudes zootechniques de la race.

PREMIERE PARTIE :

REVUE BIBLIOGRAPHIQUE

PREMIERE PARTIE : REVUE BIBLIOGRAPHIQUE

CHAPITRE I : IDENTITE DES OVINS

1. Place des ovins dans le règne animal

La systématique est la discipline qui attribue une place précise à un élément donné du vivant dans un système de classement constitué de critères emboîtés (**Pellegrini, 1999**). Ces critères sont, par ordre décroissant de grandeur, le Règne, l'Embranchement, la Classe, l'Ordre, la Famille, le Genre et l'Espèce. Cette nomenclature est due au naturaliste Suédois Linné (1707-1778), le premier à proposer une classification des plantes et animaux suivant leurs types morphologiques.

Le mouton (*Ovis aries*) est une espèce domestique, mammifère et herbivore. Il appartient à l'ordre des *Artiodactyla*, et au sous-ordre des *Pecora*. Il est de la famille des *Bovidae*, de la sous-famille des *Caprinae*, et du genre *Ovis* (**Desbois, 2008**). À l'instar de tous les ruminants, les moutons sont des quadrupèdes ongulés marchant sur deux (un nombre pair) doigts (*Cetartiodactyla*).

Ce qui définit l'ordre des *Artiodactyla* est l'axe principal de chaque membre qui passe par les doigts 3 et 4, les doigts 2 et 5 sont diminués ou absents. De plus, la plupart des Artiodactyles, et particulièrement les mâles, ont une ou plus rarement deux paires de cornes permanentes ou provisoires (**Desbois, 2008**).

Ovis est le nom scientifique du genre, et le nom de l'espèce est *aries*. En latin tardif était utilisé le terme de *berbex* pour désigner le « mâle châtré », d'*aries* pour le bélier et d'*ovicula* pour la brebis, mais l'emprunt de *multo* au sens de « bélier » perturbe le système et a très tôt remplacé *aries* (cf. l'italien *montone* « bélier »). Le terme « mouton » est issu de *multo*, terme provenant des langues celtiques et désignant les mâles châtrés de l'espèce.

En résumé, la classification des ovins est :

Règne : *Animalia*

Embranchement : *Vertébrés*

Classe : *Mammifères*

Sous-classe : *ongulés*

Ordre : *Artiodactyles*

Sous-ordre : *Ruminants*

Famille : *Bovidés*

Sous-famille : *Ovinés*

Genre : *Ovis*

Espèce : *Ovis aries*

2. Origine et évolution du mouton (*Ovisaries*)

Plusieurs classifications ont été proposées jusqu'à présent. Sept principaux groupes de moutons sauvages sont distingués sur la base de différences caryotypiques, morphologiques et géographiques (**Figure 1**) :

Ovis dalli : ou mouflon de Dall, ce mouton sauvage ne semble pas avoir été domestiqué selon **Hemmer (1990)**. C'est un mouton sauvage, des régions montagneuses du nord-ouest de l'Amérique du Nord.

Ovis canadensis : C'est le mouflon du Canada qui semble être exclu de l'ascendance du mouton domestique en raison de sa zone d'expansion géographique : côté ouest de l'Amérique du Nord, Canada et Nord-Est de la Sibérie (**Hemmer, 1990**).

Ovis musimon : C'est le Mouflon d'Europe localisé, actuellement, au niveau de la Corse (France) et de la Sardaigne (Italie).

Ovis gmelini : le mouflon au sens strict (anciennement nommé « *O. orientalis* »). C'est la forme sauvage occidentale de l'espèce domestique *Ovis aries*.

Ovis vignei : l'Urial ou Mouflon d'Afghanistan ; il se répartit dans les régions montagneuses du Nord-Est de l'Iran à l'Afghanistan et au Nord-Ouest de l'Inde (**Hemmer, 1990**).

Ovis nivicola : c'est le mouflon des neiges localisé qu'en Sibérie et ne semble pas avoir été domestiqué (**Hemmer, 1990**).

Ovis ammon : ou l'argali, est un capriné vivant en Asie centrale, en Chine et en Mongolie.

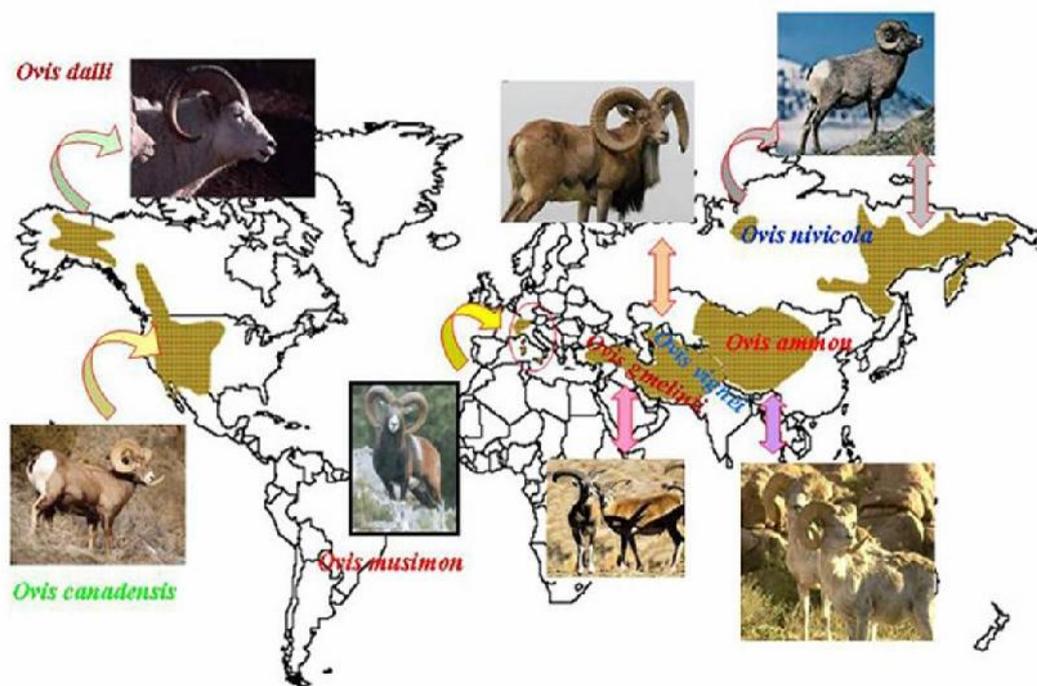


Figure 1. Evolution et taxonomies des espèces sauvages du genre *Ovis* (Rezaei, 2007)

Sur les bases de données archéologiques et génétiques, trois taxons ont été proposés comme étant à l'origine de l'espèce sauvage domestiquée. Il s'agit de l'Argali (*Ovis ammon*), du Mouflon asiatique (*Ovis orientalis*) et de l'Urial (*Ovis vignei*) (Nadler *et al.*, 1973).

La plupart des études attribuent l'origine de l'espèce sauvage au mouflon asiatique (*Ovis orientalis*), excluant ainsi les autres congénères tels que le mouflon (*Ovis ammon*) ou Urial (*Ovis vignei*).

En 2002, les travaux de génétique moléculaire sont venus confirmer certaines hypothèses, en séquençant la région de contrôle complète de l'ADN mitochondrial de 63 ovins représentant cinq taxons sauvages (*O. musimon*, *O. gmelini*, *O. vignei*, *O. ammon*, *O. canadensis*) et des lignées domestiques d'Asie, d'Europe et de Nouvelle Zélande. Hiendleder *et al* (2002) ont mis en évidence : (i) la présence de deux haplogroupes, A et B, au sein des lignées domestiques ; (ii) une distance génétique entre ces dernières et *O. gmelini*, plus petite qu'avec n'importe quelle autre espèce sauvage ; (iii) une appartenance du mouflon de Corse à la lignée B des moutons domestiques.

Une étude de **Rezaei (2007)**, sur la phylogénie du genre *Ovis* a fourni de nouvelles données sur la systématique et l'évolution du genre *Ovis*, basée sur l'étude du gène codant le cytochrome B de l'ADN mitochondrial et de l'ADN nucléaire. Une analyse phylogénétique a concerné 130 moutons domestiques et 267 représentants actuels des trois espèces ancestrales possibles.

Les relations phylogénétiques entre ces espèces et le mouton montrent maintenant que le seul véritable ancêtre est le mouflon oriental ou le mouflon d'Asie mineure (*O. orientalis*). Il vit actuellement dans le sud de la Turquie centrale, l'Arménie, l'Azerbaïdjan et le sud-est du Zagros, massif montagneux frontalier entre l'Iran et l'Irak (**Fournier, 2006**).

Les données apportées sur les relations phylogénétiques entre taxons du genre *Ovis* permettent de préciser l'histoire évolutive de ce groupe. Quoiqu'il en soit, on perçoit dès à présent que les résultats de la génétique des populations confirment ceux de l'archéologie, en désignant une région de domestication initiale restreinte à l'Anatolie sud-orientale et, peut-être, aux régions septentrionales du Zagros (**Vigne et al., 2011**). Il apparaît clairement que le mouflon asiatique (*Ovis orientalis*) est le seul ancêtre du mouton domestique.

3. Domestication du mouton

Plusieurs définitions de la domestication existent dans la littérature. Celle de **Price (1984)** décrit la domestication comme "le processus par lequel un animal captif s'adapte à l'homme et à l'environnement qu'il fournit". Ainsi, un animal domestique est sélectionné lors de son élevage en captivité, pour répondre aux besoins de l'homme qui contrôle sa nourriture et ses conditions de vie (**Diamond, 1999**). Selon **Danchin Burge (2002)**, le premier effet de la domestication est l'apparition d'une variabilité d'aspect extérieur inexistante à l'état sauvage (gènes de couleur, cornage, etc.). La domestication des animaux constitue une étape cruciale dans l'évolution de l'homme.

D'une façon générale, l'histoire de la domestication du mouton est sujette à controverse. Néanmoins, il y a probablement 11000 ans, le mouton a été domestiqué dans le Croissant fertile au Moyen-Orient à partir d'une espèce locale, le mouton sauvage (**Reed, 1984**) (**Figure 2**), dans la même période que la chèvre et peu de temps après la vache (**Figure 3**). Il a d'abord été domestiqué pour sa viande avant que les humains ne commencent à exploiter sa laine et son lait

il y a 4000 à 5000 ans (**Kijas et al., 2012**). Toutefois, On estime que la domestication du mouton a commencé à l'époque néolithique (de l'élevage néolithique) entre 8000 et 5000 ans avant JC (**Perez Ripoll, 2001**).



Mouflon (Ovis Musimon)



Urial (Ovis vignei)



Argali (Ovis Ammon)

Figure 2. Quelques moutons sauvages

Il a été entièrement domestiqué pendant la période préhistorique à la fin du Mésolithique (milieu de l'âge de pierre). Les preuves de la domestication initiale du mouton peuvent être divisées en deux catégories par les archéozoologues (**Zeder, 2006**). Certaines reflètent l'impact de la domestication sur l'évolution de l'homme comme le changement de mode de vie (par exemple sédentarisation). D'autres reflètent les objectifs de l'homme lors de la gestion des populations animales, comme les changements morphologiques (par exemple la sélection de femelles sans cornes) (**Rezaei, 2007**).

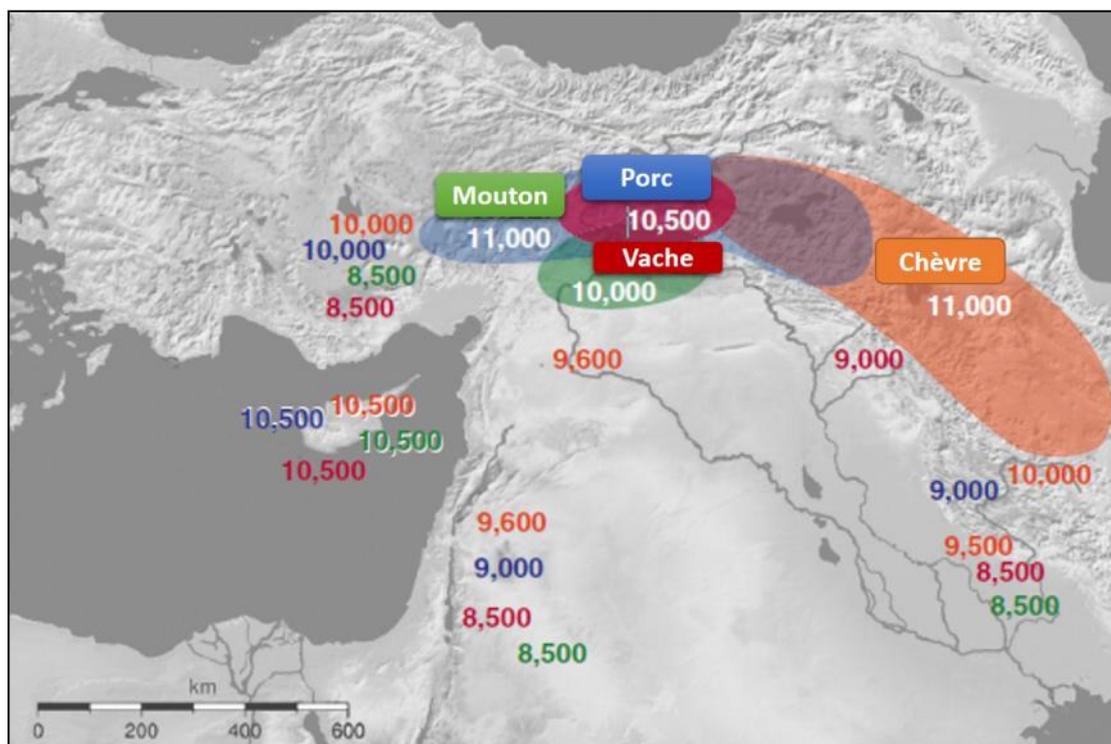


Figure 3. Origine et répartition des espèces animales domestiques dans le Croissant Fertile. Les zones ombrées montrent la région globale et les dates approximatives durant lesquelles la domestication initiale a été faite. Orange, chèvre (*Capra hircus*); vert, mouton (*Ovis aries*); rouge, la vache (*Bostaurus*); bleu, porc (*Sus scrofa*) (Zeder, 2008)

Sur les bases de données archéologiques et génétiques, trois taxons ont été proposés comme étant à l'origine de l'espèce sauvage domestiquée. Il s'agit de l'Argali (*Ovis ammon*), du Mouflon asiatique (*Ovis orientalis*) et de l'Urial (*Ovis vignei*), selon la classification de Nadler et al (1973). Le taxon le plus proche du mouton domestique est *Ovis orientalis*, qui est localisé dans l'ouest de l'Anatolie et le Nord du Zagros (Rezaei, 2007).

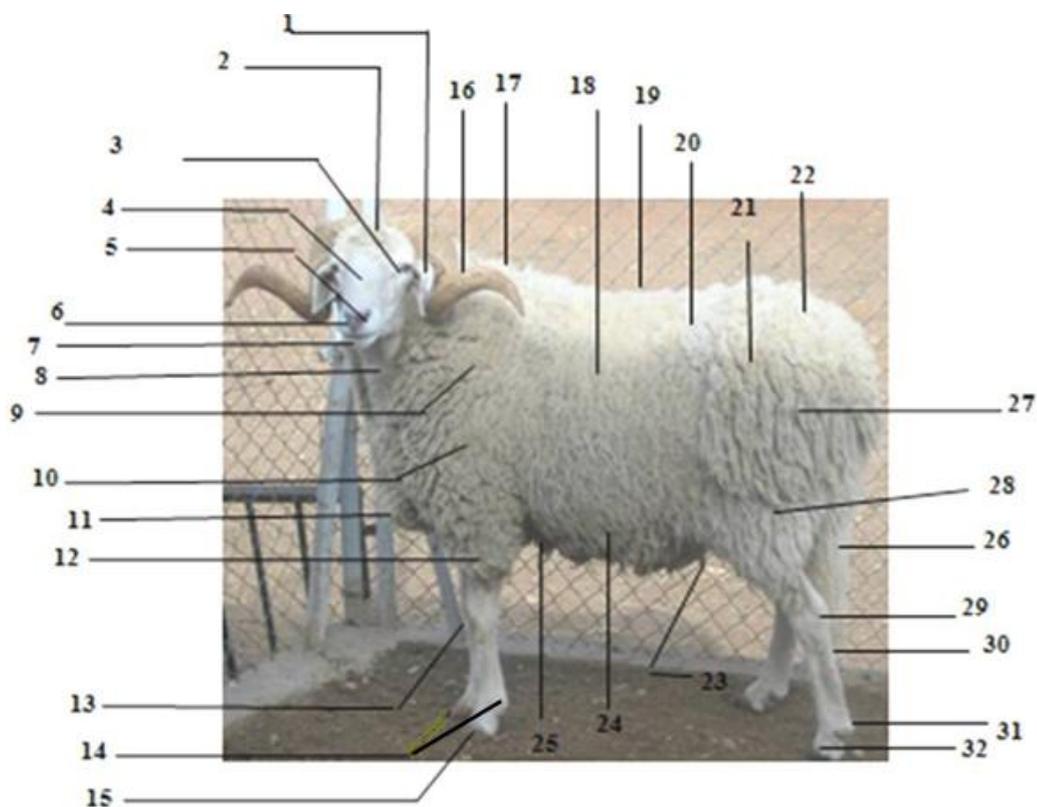
Groves et Leslie (2011) soulignent que le mouton anatolien est probablement l'ancêtre du mouton domestique et que le Mouflon européen, parfois appelé *O. musimon* ou *O. orientalis musimon*, sont les descendants sauvages du mouton domestique.

Actuellement la Nouvelle-Zélande, l'Australie, le Royaume-Uni et la Patagonie (sud de l'Argentine) représentent les grandes régions d'élevage du mouton.

4. Morphologie générale du mouton

La morphologie est l'apparence extérieure générale du mouton, qui est assez caractéristique pour qu'on le reconnaisse au premier coup d'œil (Figure 4). Son corps est

corpulent et recouvert d'une toison appelée laine. Sa tête présente un profil droit parfois busqué, pourvue d'oreilles pendantes ou inclinées (vers l'avant ou vers l'arrière) selon les races.



- | | |
|-------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------|
| 1. Les oreilles | 17. Le garrot |
| 2. Le front | 18. Les côtes |
| 3. Les yeux | 19. Le dos |
| 4. Le chanfrein | 20. Les reins |
| 5. Le bout du nez | 21. Les hanches |
| 6. Les naseaux ou narines | 22. La croupe |
| 7. La bouche | 23. Le flanc |
| 8. La gorge | 24. Le ventre |
| 9. Le cou | 25. L'ars |
| 10. L'épaule | 26. La queue |
| 11. Le poitrail | 27. Le gigot |
| 12. Avant-bras | 28. L'entrecuisse |
| 13. Le genou | 29. Le jarret |
| 14. Le boulet est entre le canon
et le tendon en haut et le paturon en bas | 30. Les membres postérieurs |
| 15. Les onglons | 31. Ergot |
| 16. Les cornes | 32. Pied |

Figure 4. Morphologie du mouton

Le plus souvent le mâle possède une paire de cornes, rarement quatre. Les cornes sont fortes, creuses, annelées et enroulées en spirale ou parfois droites. Chez l'adulte, la bouche est munie de 32 dents qui se répartissent en 12 molaires à la mâchoire supérieure, autant à la mâchoire inférieure et 8 incisives portées par la mâchoire inférieure (**Fournier, 2006**).

Aux membres antérieurs et postérieurs, seuls les deux doigts médians constitués chacun de trois phalanges reposent au sol, ils sont munis de sabots. Les deux doigts latéraux sont absents ou rudimentaires, la première phalange est appelée paturon.

5. Génome Ovin

Les recherches effectuées sur le nombre chromosomique du mouton par les techniques histologiques ont abouti à des résultats contradictoires. Finalement, c'est **Melander (1959)** cité par **Popescu (1989)** qui établit définitivement le nombre chromosomique du mouton (*Ovis aries*) à 54 chromosomes, en étudiant des cultures cellulaires de poumons. Le caryotype du mouton qui correspond à « l'établissement du nombre et de la morphologie des chromosomes d'un individu » est constitué de 3 paires de grands métacentriques et de 23 paires d'acrocentriques qui constituent une série décroissante divisée, selon la classification de Reading (**Ford et al., 1980**) en 5 rangées et 1 paire d'hétérosome (**Figures 5a et 5b**) : Le chromosome X est le plus grand acrocentrique et l'Y, lui, est métacentrique et le plus petit élément du complément (**Popescu, 1989**).

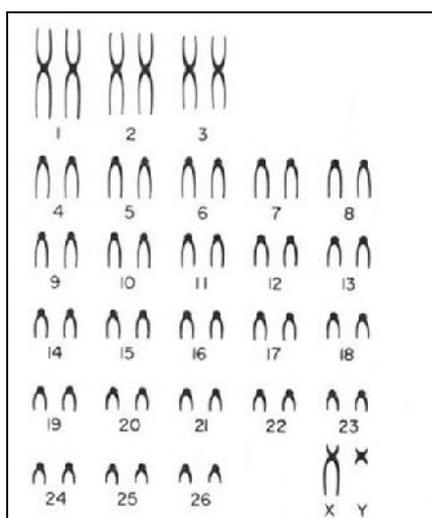


Figure 5a. Schéma représentant le caryotype du mouton (**Popescu, 1989**)

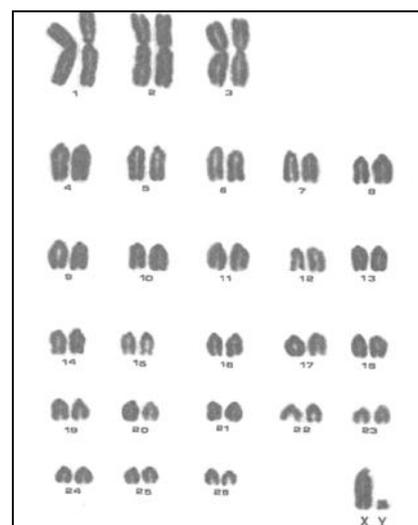


Figure 5b. Caryotype de mouton coloré au Giemsa (**Popescu, 1989**)

En 2005, le génome du mouton n'était pas encore entièrement séquencé, néanmoins une carte génétique détaillée a été publiée et une version préliminaire du génome complet par assemblage de séquences d'ADN de mouton fournies par les génomes d'autres mammifères a été communiquée (**Wooster, 2005**).

Un consortium international (26 institutions de recherche, 8 pays et 100 chercheurs) a séquencé récemment le génome ovin, pour la première fois, afin de mieux comprendre la biologie complexe de cette espèce. Les chercheurs ont identifié une trentaine de régions du génome du mouton semblant avoir été très rapidement modifiées par la sélection de certains gènes liés à la couleur de sa toison, sa taille, ou encore sa reproduction. Grâce à la comparaison de 50 000 molécules d'ADN à travers le génome, des liens génétiques ont pu être retracés entre quelque 2819 moutons issus de 74 races différentes de tous les endroits du monde. Le projet de séquençage du génome du mouton qui a duré sept ans a permis de découvrir une très grande diversité génétique qu'a su conserver le mouton après des millénaires de domestication et de sélection contrairement à certains animaux domestiques, notamment les bovins et les chiens (**Kijas et al., 2012**).

L'équipe de recherche a comparé également le génome de moutons avec des traits génétiques connus d'autres mammifères dont les chèvres, les bovins et les humains. Les résultats, selon **Kijas et al (2012)**, ont décelé que le mouton avait divergé de la chèvre et d'autres ruminants il y a environ quatre millions d'années.

La longueur totale du génome du mouton est de 2,78 milliards de nucléotides contre 2,91 et 2,47 chez le bœuf et le cheval, respectivement (**Ollivier, 2013**).

CHAPITRE II : IMPORTANCE DE L'ELEVAGE OVIN ET SYSTEMES DE PRODUCTION EN ALGERIE

1. Historique du mouton en Algérie

Les nombreux auteurs qui se sont attachés à étudier les ovins en Algérie (**Jore d'Arce, 1947**; **Sagne, 1950** et **Chellig, 1992**) se rejoignent dans la description des gravures rupestres du cinquième millénaire qui témoignent que le mouton était déjà présent en Algérie au néolithique. Néanmoins, l'origine des moutons algériens reste controversée (**Trouette, 1929**). **Sagne (1950)** rapporte que le cheptel ovin algérien aurait une double origine : occidentale et orientale. Pour l'origine occidentale, **Trouette (1929)** plaide pour une introduction de l'ovin à queue fine (à

l'origine du tronc commun « arabo-berbère ») par les romains, au V^{ème} siècle, venant de Tarente en Italie. Pour l'origine orientale, **Turries (1976)** tient que l'introduction du mouton à queue fine s'est faite très tôt (5000 ans) suivie d'une deuxième vague qui introduisit le mouton à queue grasse vers le II^{ème} siècle, à l'origine du cheptel Barbarian algérien.

Pour **Turries (1976)**, le cheptel algérien actuel se divise en deux groupes ; un mouton à queue fine d'origine ancienne et un mouton à queue grasse d'origine récente. Quoiqu'il en soit, il existe en Afrique du Nord un mélange complexe de races ovines issues de croisements désordonnés et de métissages sans nombre, favorisés par un mode d'élevage très complexe, à savoir le nomadisme et la transhumance, et il est très difficile de parvenir à extraire les types primitifs qui participèrent à leur formation (**Sagne, 1950 ; Magneville, 1959; Lauvergne, 1988**).

C'est ainsi que, selon **Sagne (1950)**, vers le VI^{ème} siècle, les tribus Zénètes provoquèrent l'individualisation du mouton arabe à partir des berbères. Dès lors, se trouvaient en place sur le territoire algérien les trois grands types génétiques :

- Le type berbère : confins algéro-marocains
- Le type arabe : centre
- Le type barbarin : confins algéro-tunisiens

Au sud algérien, le mouton est fréquemment figuré dans l'art gravé de l'Atlas saharien. A Bou Dhebib ainsi que dans les diverses peintures du Tassili n'Ajjer, est représenté un sujet à queue courte qui ne peut être confondu avec le mouton à poils dit *Ovis aries longipes* (**Ginette, 2001**) à laquelle appartiennent la plupart des figurations de moutons néolithiques (**Figure 6**). Ces moutons sans laine sont caractérisés par leurs longues pattes, la queue fine, leurs cornes, petites et à simple courbure, incurvées vers l'arrière puis dirigées vers l'avant avec un profil convexe de la tête (**Camps, 1978 et 2001**).

Contrairement à ce qui se passe dans le Sahara central et méridional, aucune étude sérieuse n'a encore été faite sur le mouton néolithique du Tell et nous ne savons même pas si cet animal appartient, comme celui de l'Atlas saharien, à l'espèce *Ovis longipes*. L'origine du mouton domestique reste mystérieuse, il ne semble pas en effet qu'il y ait une souche locale d'ovins (**Camps, 1978**).

En résumé, **Turries (1976)** rapporte qu'il y a un seul foyer de domestication du mouton nord-africain, à savoir le Moyen orient.



Figure 6. Race dite *ovis longipes* qui occupait le Sahara et le sud du Maghreb (Camps, 2001)

2. L'effectif ovin et son évolution

Les effectifs du cheptel ovin sont très difficiles à évaluer en Algérie en raison de l'insuffisance de données statistiques fiables. Toutefois, les derniers chiffres disponibles montrent que le cheptel ovin est estimé à 27 807 734 têtes (MADR/DSASI, 2014), il représente ainsi près de 79 % de l'effectif total du cheptel national (Figure 7). L'élevage caprin vient en seconde position (14 %) comprenant 5 129 839 têtes. L'effectif des bovins reste relativement faible avec 2 049 652 de têtes (soit 6 % de l'effectif global), ainsi que les camelins avec 354 465 têtes (MADR/DSASI, 2014). L'Algérie est ainsi classée au deuxième rang des pays du Maghreb après le Maroc, en termes d'effectifs ovins (FAOSTAT, 2013).

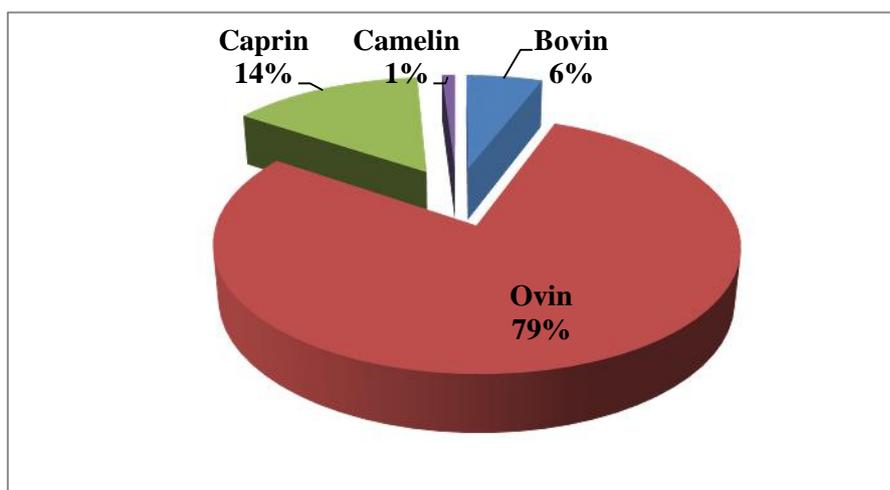


Figure 7. Composition du cheptel national (MADR/DSASI, 2014)

Sur une longue période (1961 à 2003), les statistiques de la FAO enregistrent une augmentation du cheptel ovin en Algérie de 246 % (**Alaryet Boutonnet, 2006**).

Le **tableau 1** illustre l'évolution des effectifs du cheptel national ovin au cours des deux dernières décennies (moyenne relative 1990 – 2014). Les données chiffrées indiquent une tendance croissante avec quelques variations annuelles selon les conditions climatiques. Toutefois, on relève une extension exceptionnelle de cet effectif, qui passe ainsi de 21 millions à plus de 27 millions de têtes entre 2010 et 2014, soit une croissance qui avoisinerait 25%. Cette hausse considérable s'expliquerait probablement par les efforts des Pouvoirs Publics pour développer la filière ovine. Néanmoins, cette politique encourage malheureusement le phénomène de surpâturage et par conséquent la dégradation des parcours.

Tableau 1. Evolution du cheptel ovin (milliers de têtes)

Année	1990	1995	2000	2005	2007	2010	2014
Effectifs (en têtes)	17 697	17 302	19 500	18 900	19 850	21 000	27 807

Source : MADR/DSASI

3. Importance socio-économique

L'Algérie est un pays connu, de par sa tradition, pour sa vocation dans l'élevage ovin. Il occupe une place stratégique non négligeable dans l'économie agricole du pays, et ce en raison de son poids économique et de ses implications et impacts sur l'emploi, l'environnement et les systèmes de production (**Boutonnet, 2003**). La filière ovine contribue à hauteur de 50 % dans la formation du PIBA du pays (**MADR/DSASI, 2006**) en fournissant une masse de produits d'une vente rémunératrice : viande, laine, peau délainée et fumier très riche.

Avec son effectif important et malgré sa concentration quasi totale (70%) dans des zones steppiques où les conditions sont très défavorables, ce riche patrimoine génétique représente 60 de l'offre nationale globale en viande rouge et produits carnés avec une production de 261 119 tonnes (**MADR/DSASI, 2012**). La viande ovine qui reste la plus prisée en Algérie, est issue des jeunes animaux sevrés et engraisés durant l'année, par contre durant les fortes demandes de consommation, ce sont les antenais et les béliers qui sont prisés soit par exigence religieuse du sacrifice de l'«Aïd el Kebir» soit aux grandes événements familiaux, en l'occurrence les fêtes de mariage, circoncision et naissance. Le reste est assuré par les animaux réformés et improproductifs

soumis ou non à l'engraissement. En outre, il l'est aussi pour sa laine, malgré le déclin de la production nationale. Avec une production annuelle de 314 998 quintaux (**MADR/DSASI, 2013**) essentiellement de couleur blanche se prêtant parfaitement à la production artisanale de tissage.

Les troupeaux ovins en élevage mixte avec les caprins constituent le plus souvent une source de trésorerie permanente à la population rurale en offrant ainsi des emplois.

Cette filière recèle de nombreux atouts mais elle demeure, paradoxalement, assujettie à des multiples contraintes qui entravent ou ralentissent son développement dont les plus importants peuvent être résumés comme suit :

Les principaux atouts :

- ✓ Importance des effectifs et des espaces pastoraux ainsi que la spécialisation des pasteurs dans l'activité d'élevage de petits ruminants ;
- ✓ La diversité des races ovines exploitées. Elles sont pour la plus part à vocation viande, rustiques, bien adaptées au milieu naturel ;
- ✓ La viande fournie par ces animaux présente des qualités gustatives très appréciées, ce qui pourrait lui attribuer un label de qualité ;
- ✓ Un marché interne fort rémunérateur du fait du maintien de la demande à un niveau relativement élevé et durable.

Les principales contraintes :

- ✓ Le caractère extensif des systèmes de production, fortement dépendant des aléas climatiques et de la production pastorale. On peut déjà en déduire l'effet de l'élevage pastoral et les conséquences de la dégradation des milieux steppiques sur la production de la viande rouge ;
- ✓ Faiblesse de la productivité des élevages malgré l'utilisation massive de la supplémentation, notamment de l'orge ;
- ✓ Le circuit de commercialisation du cheptel sur pied est complexe et fait intervenir beaucoup d'intermédiaires appuyé par l'éloignement des zones de production des centres de consommation ;
- ✓ Absence ou insuffisance d'organisation professionnelle ;
- ✓ L'insuffisance des aménagements des marchés du bétail et de leurs équipements ;
- ✓ Les abattages clandestins non contrôlés du cheptel ;

- ✓ caractérisation incomplète ou insuffisance des différents types génétiques ;
(description , effectifs, répartition spatiale, systèmes de production , environnement, socio-économique et physique) pour mieux raisonner la conservation ;
- ✓ La taille moyenne des élevages est faible (15 brebis/éleveur pour les ovins) ;
- ✓ Cheptel non identifié et inexistence des flock book.

4. Les races ovines algériennes

L'importance de l'élevage ovin en Algérie, réside dans la richesse et de la diversité de ses ressources génétiques.

La classification des ovins en Algérie reposait sur l'existence de deux grands types de races qui à leurs tours présentent intrinsèquement des variétés ou sous races, souvent identifiées à des régions (**Chellig, 1992**) :

- Races principales : Ouled Djellal, Hamra, Rembi et Taâdmit
- Races secondaires : D'Men, Sidaoun, Berbère et Barbarine

4.1. Races principales

4.1.1. Race Ouled Djellal

La race Ouled Djellal, dite race arabe blanche (**Trouette, 1929 ; Sagne, 1950 et Chellig, 1992**). C'est le véritable mouton de la steppe, le plus adapté au nomadisme et à la marche.

Historiquement, cette race aurait été introduite par les Béni-Hilal venus en Algérie au XI^{ème} siècle, du Hidjaz (Arabie) en passant par la Haute Egypte sous le Calife des Fatimides (**Sagne, 1950 et Chellig, 1992**). Il faut cependant remarquer que les races ovines du Moyen-Orient et d'Asie sont toutes des races barbarines à queue grasse. C'est pour cette raison, que d'après **Trouette (1929)**, la race Ouled Djellal à queue fine et laine fine aurait été introduite par les romains, grands amateurs de laine, au cinquième siècle venant de Tarente en Italie où ce type de mouton existe jusqu'à présent. Il est d'ailleurs représenté sur les stèles funéraires des ruines de Timgadà Batna (**Chellig, 1992**). Toutefois, elle est de loin la plus importante, en termes d'effectif, et la plus intéressante en termes de productivité.

Description phénotypique

Les individus de la race Ouled Djellal sont robustes et atteignent plus de 80 cm chez le mâle et 74 cm chez les femelles, le poids moyen adulte du bélier est compris entre 80 et 140 kg, contre 55-75 kg pour les brebis (**Djaout et al., 2015a**)(**Figures 8a et 8b**). C'est une race mixte

conduite selon un mode extensif (**Snoussi, 2003**). Cette race serait la meilleure race à viande en Algérie selon **Harkat et al (2015)**.

- ✓ **Corps** : la forme de son corps est proportionnée, sa taille est haute, sa hauteur est égale à la longueur du tronc
- ✓ **Couleur** : la peau, la laine, les pattes et la tête sont de couleur blanche
- ✓ **Tête** : le profil céphalique est convexe, les oreilles longues tombantes ; les animaux sont mottes (**Djaout et al., 2015a**) alors que **Chellig, 1992** indique dans sa description de cette race que les béliers présentent des cornes moyennes spiralés et absentes chez la brebis (sauf quelques exceptions surtout chez la variété Djellalia).
- ✓ **Tronc** : côte longue et tombée, poitrine large, profonde, dos bien droit, le rein ample coupé en « V »
- ✓ **Membres** : gigots plats, grêles mais bien descendus, les membres sont robustes.
- ✓ **Toison** : souvent courte, laissant à nu la partie inférieure du cou, de la tête et de l'extrémité des membres, la queue est fine.

Khelifi (1999), a décrit deux variétés pour cette race : la variété haute qui est une grande marcheuse et une variété basse qui évolue dans les parcours sub-saharien, **Harkat et al (2015)** ont décrit cinq variétés de Ouled Djellal: la Ouled Djellal, l'Mouidate, la Safra, la Baida et la Hodnia.

Cette race existe aussi en Tunisie sous le nom de "Bergui ou Queue fine de l'Ouest" (**Snoussi, 2003**).

Les variétés de la race Ouled Djellal

- ✓ **Variété Ouled Djellal** proprement dite ou Djellalia, peuple les régions de Biskra et Tougourt.
- ✓ **Variété Ouled Naïl ou Hodnia** : cette variété occupe la région de Sétif, Constantine, Sidi Aïssa, Bousaâda, Batna et Oum-El-Bouaghi, elle est dite (Chaouiya, Naïlia). C'est la variété la plus présente sur le territoire algérien.
- ✓ **Variété "Samiïa"**: cette variété occupe la région de Souamea au niveau de la localité de Ouled Derradj, wilaya de M'sila. Elle se caractérise par un format plus grand que la race Ouled Djellal, une adaptation à la marche et une laine qui couvre tout le corps de l'animal. Elle est une excellente laitière. Selon certains éleveurs, cette variété est issue d'un croisement entre la race Ouled Djellal et la race Rembi (**Djaout et al., 2015a**).

- ✓ **Variété Chellalia** : elle est dite "Safra ou chagra (= jaune)". C'est le type le plus petit de taille et le plus léger, la laine est très fine. Ce type se rencontre dans les régions de Tiaret, Djelfa, Laghouat et Saïda. La tête est jaune claire, les membres sont fins (**Sagne, 1950 ; Chellig, 1992**).



Figure 8a. Bélier Ouled Djellal à Biskra (**Djaout et al., 2015a**)



Figure 8b. Brebis Ouled Djellal à Biskra (**Djaout et al., 2015a**)

4.1.2. Race Hamra (dite Deghma en Algérie)

La race Hamra dénommé également « daghma » qui signifie « mouton à tête marron roussâtre » est autochtone d'Algérie, appelée communément Beni-Ighil au Maroc (haut atlas marocain) où elle est élevée par la tribu Béni-Ighil d'où elle tire son nom.

Elle est très appréciée pour sa rusticité (race très résistante au froid et aux vents glacés des steppes de l'Oranie) mais surtout pour la qualité organoleptique et gustative de sa viande. Son effectif était estimé à 3 millions 200 milles têtes au début des années 90 (**Chellig, 1992**) pour atteindre 500 milles en 2003 (**AnGR, 2003**). Cette diminution est due surtout à l'introduction massive, par les éleveurs, de la race Ouled Djellal dans le berceau de cette race (**Gaouar et al., 2005 ; Gaouar, 2009**).

Description phénotypique

Les animaux sont de taille moyenne (hauteur au garrot) varie entre 65 et 70 cm pour les femelles et entre 70 à 75 cm pour les mâles, quant au poids, celui-ci oscille entre 40-42 kg pour les brebis et 68 à 72 kg pour les béliers (**Figures 9a et 9b**).

- ✓ **Couleur** : la peau est brune, les muqueuses noires, les onglons noires et la langue est bleue
- ✓ **Laine** : la laine blanche, le jarre est roux, la laine recouvrant le front et tout le corps jusqu'aux genoux et aux jarrets

- ✓ La tête et les pattes sont d'un roux foncé (presque noir), la langue est bleue noirâtre
- ✓ Les cornes spiralées souvent striées en noir sont de taille moyenne chez les mâles, les femelles sont mottes
- ✓ La queue est fine et de longueur moyenne

La race Hamra a une conformation idéale de mouton à viande, et une finesse remarquable de l'ossature et de la rondeur de ses lignes. Elle était préférée à toutes les autres races sur le marché de France sous le nom de mouton d'Oranie à cause de ses qualités organoleptiques (**Chellig, 1992**). Ces qualités organoleptiques sont intéressantes à utiliser dans un schéma de sélection avec une race lourde comme la race Ouled Djellal. Sur le plan qualité de la viande c'est la meilleure race ovine en Algérie.

Sur terrain, il existe trois variétés principales, comme il a été rapporté par **Chellig (1992)** :

- ✓ **Type El-Bayadh, Mechria:** caractérisé par une couleur acajou foncé
- ✓ **Type de Malakou** du chott Chergui à couleur acajou claire
- ✓ **Type d'El-Aricha :** caractérisé par une couleur acajou foncé presque noire, c'est la variété préférée des éleveurs. C'est le type même de la Hamra. Il se situe à la frontière marocaine (Sebdou).



Figure 9a. Bélier Hamra à l'ITELV Saïda (type El-Aricha) (**Djaout et al., 2015a**)



Figure 9b. Brebis Hamra à l'ITELV Saïda (type El-Aricha) (**Djaout et al., 2015a**)

4.1.3. Race Rembi

La race Rembi (nommée "Sagâa" dans la région de Tiaret). Cette race serait issue d'un croisement entre la race Ouled Djellal et le mouflon du Djebel Amour (**Chellig, 1992**). Historiquement, la Rembi occupait presque toute la steppe de l'Est à l'Ouest du pays et présentait une meilleure adaptation à la steppe et parcours de montagne par rapport à la race Ouled Djellal grâce à sa grande rusticité et son adaptation aux zones d'altitude. Ce mouton Rembi est particulièrement adapté aux régions de l'Ouarsenis et des monts de Tiaret. La race Rembi occupe la zone intermédiaire entre la race Ouled Djellal à l'Est et la race Hamra à l'Ouest. Elle est limitée à son aire d'extension puisqu'on ne la rencontre nulle part ailleurs (**Chellig, 1992**).

Sagne en **1950** a présenté la Rembi et la Ouled Djellal comme des sous-races de la race arabe algérienne, avec deux variétés chez la Rembi :

- Le mouton arabe à tête fauve ou sous race « Rembi des Amour »,
- Le mouton arabe à tête noire ou sous race « Rembi de Sidi Aissa ».

D'autres auteurs (**Trouette, 1929 ; Jores D'Arces, 1947 ; Magneville, 1959**) parlent d'une seule variété de la race Rembi à tête fauve ou jaune, qui peuple l'Oriental, le Sud de Tiaret et la région de Djebel Amour. D'après ces mêmes auteurs le mouton Rembi est issu d'un croisement entre le mouflon de Djebel Amour (appelé également « Laroui ») et la race Ouled Djellal, parce qu'il a la conformation de la Ouled Djellal et la couleur du Mouflon dont il a également les cornes énormes. Cette race est particulièrement rustique et productive ; elle est très recommandée pour valoriser les pâturages pauvres de montagnes (**AnGR, 2003**).

AnGR (2003) a mentionné deux types dans cette race :

- Rembi du Djebel Amour (Montagne) ;
- Rembi de Sougueur (Steppe).

Description phénotypique

C'est un animal haut sur pattes, il est considéré comme le plus grand format de mouton d'Algérie en taille (hauteur au garrot) comprise entre 70-75 cm pour les brebis et 80-85 cm pour les béliers, le poids de ces animaux est respectivement de 60-65 kg pour les femelles et 80-90 kg pour les béliers (**Figures 10a et 10b**) .

- Le mouton Rembi présente pratiquement les mêmes caractéristiques morphologiques que la race Ouled Djellal, sauf qu'il a une ligne dorsale un peu plus incurvée et les membres ainsi que la tête de couleur fauve ou légèrement grisâtre avec des oreilles moyennes et pendantes.
- La laine est blanche et couvre tout le corps jusqu'aux genoux et aux jarrets.
- La queue est moyenne et fine.
- Les béliers présentent des cornes volumineuses et spiralées et les brebis présentent des cornes inclinées vers l'arrière.



Figure 10a. Bélier Rembi
(Station ITELV Ksar Chellala)



Figure 10b. Brebis Rembi
Mechria (Nâama) (Djaout *et al.*, 2016)

4.1.4. Race Taâdmit

La race Taâdmit a été remplacée par la race Ouled Djellal dans son berceau, elle a pour origine génétique un croisement entre le Mérinos de l'Est et une race autochtone de la région de Djelfa (**Jore d'Arce, 1947 ; Sagne, 1950**). Ce croisement a été entrepris dès les années 1860 à la station expérimentale de Taâdmit, d'où son appellation. Ce croisement avait comme objectif principal l'amélioration des aptitudes lainières de la race Ouled Djellal (**Chellig, 1992**). La race Taâdmit qui était exploitée dans la région centre de la steppe algérienne ne présente actuellement que quelques centaines d'animaux au niveau de la wilaya de Djelfa surtout au niveau de la région Taâdmit et un noyau de troupeau au niveau de la station expérimentale INRAA de H'madna (wilaya de Relizane). Elle est en train d'être absorbée essentiellement par la race Ouled Djellal. Créée dans un but d'améliorer la production de la laine, il n'en est rien actuellement ; probablement à cause de la forte consanguinité qui sévit au sein du troupeau.

Description phénotypique

Cette race se caractérise par une tête blanche avec un profil busqué chez le mâle, légèrement busqué chez la femelle, un corps long. L'animal est haut sur pattes, la toison est étendue, recouvrant le front et descendant jusqu'aux jarrets et parfois jusqu'aux genoux. La laine est superfine à fine. La queue est longue (**Figures 11 a et 11b**).



Figure 11a. Béliers Taâdmit
(Station INRAA H'madna)



Figure 11b. Brebis suitées Taâdmit
(Station INRAA H'madna)

4.2. Races secondaires

4.2.1. Race D'Men

C'est une race saharienne des oasis du Sud-Ouest algérien (Erg. Occidental et Vallée de l'Oued Saoura) et du Sud Est marocain (**Chellig, 1992**). Elle est différente à celle du Maroc (**MADRPM/DERD, 2005**).

La race D'Men (localement le mot D'Men veut dire croisé) a un effectif très réduit, actuellement, quelques troupeaux dans la région de Bechar, El M'niaâ (Goléa) et à Adrar (au niveau de la station expérimentale de l'INRAA). Par ailleurs au niveau de la région d'Adrar, il y a une population ovine qui est appelée race D'Men mais qui ne ressemble pas à celle décrite par **Chellig (1992)**. Elle est en train d'être remplacée essentiellement par les races Ouled Djellal et Sidaoun. De plus, cette race, qui présente un phénotype très proche de la race Sidaoun, peut facilement être confondue avec des animaux croisés entre la race Sidaoun et une race blanche du Nord. Ce constat a été confirmé par une étude génétique à l'aide de marqueurs moléculaires (**Gaouar, 2009**).

Sur le plan zootechnique cette race présente deux caractéristiques très importantes, d'une part sa prolificité peut atteindre facilement les 200% et d'autre part elle n'est pas très exigeante sur le plan nutritionnelle, elle peut, par exemple, valoriser parfaitement les noix de dattes.

Description phénotypique

Les animaux présentent de grandes variabilités morphologiques formant de ce fait une population ovine ayant en commun certains caractères. Cet animal est de petit format et d'un squelette fin, d'un poids moyens de 45kg pour les brebis et 55 kg pour les béliers. **Boubekeur et al (2011)** ont enregistré un poids vif moyen à l'âge adulte de 49,2 kg pour le bélier et de 37,8 kg pour la brebis D'Men dans la région d'Adrar avec une hauteur de 72,9 cm chez les brebis et de 78,4 cm chez les béliers.

- ✓ **Couleur:** tous les types de pigmentations sont admis toutefois les plus répandus sont :
- ✓ **Le type acajou ou brun :** la tête, les membres et la toison sont de couleur acajou foncé. La laine présente des reflets acajou plus au moins prononcés, (**Figure 12a**).
Le type noir : couleur dominante chez 65 % des troupeaux de cette race (**Boubekeur et al., 2015**). La tête, les membres et la toison sont de couleur noire, la queue et les membres sont noirs avec des extrémités blanches au niveau de la queue (**Figure 12b**).
- ✓ **Tête :** fine, étroite, à profil busqué (davantage chez le bélier).
- ✓ **Cornes:** elles sont petites et fines ou inexistantes chez les deux sexes. **Boubekeur et al (2015)** ont observé que le mâle de race D'Men au niveau de la région d'oasis d'Adrar se distingue par l'absence de cornes. Néanmoins les agneaux mâles naissent avec des ébauches qui tombent à l'âge de 3 mois.
- ✓ **Cou :** long, mince porte souvent des pendeloques chez la brebis mais rarement chez le bélier. La poitrine est étroite, l'abdomen très développé, la ligne du dessous est inclinée vers l'arrière ; l'animal semble être fixé vers l'arrière ; la queue est fine.
- ✓ **Toison :** elle est peu étendue, laissant à nu le ventre, la poitrine et les pattes. La laine est jarreuse, la toison ouverte à brin très courts.

Généralement, l'absence de pendeloques, une tâche blanche sur le front et la queue longue à bout blanc sont les caractères dominants chez la race D'Men, cela est confirmé par **Boubekeur et al (2011)**.



Figure 12a. Brebis D'Men
(ITELV, FDPS de Baba Ali)



Figure 12b. Bélier D'Men
(Chekkal et al., 2015)

4.2.2. Race Sidaoun

Cette race s'appelle aussi Targuia parce qu'elle est élevée par les Touaregs qui vivent et nomadisent au Sahara entre le Fezzan en Lybie-Niger et le sud algérien au Hoggar-Tassili. Il semble que l'origine de la race Targuia soit le Soudan (le Sahel). Elle avait un effectif qui était estimé à 25.000 têtes (Chellig, 1992). Actuellement, selon les résultats d'enquête (Djaout et al., 2015a), son effectif connaît un accroissement considérable en raison de l'extension de son aire de répartition au niveau de tout le Sahara, il peut être estimé à plus de 1 million de têtes. Elle occupe la quasi-totalité du territoire. Quelques têtes de Sidaoun dans la région de Laghouat ont été repérées.

Cette race est interdite dans les régions de la steppe et du tell du fait qu'elle provient du Sahel, elle est considérée par les services vétérinaires comme un porteur sain de bon nombre de parasites.

Description phénotypique

C'est la seule race Algérienne dépourvue de laine, mais à corps couvert de poils. Le mouton Sidaoun ressemble à une chèvre sauf qu'il a une queue longue et un bêlement de mouton.

- ✓ Son corps est de couleur noire, paille clair, blanc ou présentant un mélange de deux couleurs (Figures 13a, 13b et 13c).
- ✓ Les mâles peuvent présenter soit une absence de cornes, soit des cornes courbées de petite taille.

- ✓ La queue est mince, très longue presque au ras du sol, et elle présente une extrémité blanche (**Figure 13d**).



Figure 13a. Bélier Sidaoun à Djanet (Djaout et al., 2016)



Figure 13b. Bélier Sidaoun à Djanet (Djaout et al., 2016)



Figure 13c. Bélier Sidaoun à Djanet (Illizi) (Djaout et al., 2016)



Figure 13d. Brebis Sidaoun à Laghouat (Djaout et al., 2016)

4.2.3. Race Berbère

C'est la plus ancienne des races algériennes, dite "Berbère à laine azoulaï", c'est une race en voie d'extinction puisque son effectif s'évaluait à plus de 3 millions de têtes dans les années 1960, aujourd'hui, il ne dépasserait pas les 50 000 têtes (FAO, 2014). Elle est nommée "A'arbia" par les éleveurs parce qu'ils croient qu'elle est la plus ancienne des races algériennes et originaire de l'Afrique du nord, alors que la race Ouled Djellal est appelée "Chaouiya", car elle est blanche et de grand format. Les troupeaux de cette race ne dépassant pas les 20 têtes par éleveur. C'est un mouton qui n'a qu'un intérêt historico-culturel, il tend à être remplacé à l'ouest par le mouton Hamra et à l'est par le Ouled Djellal.

Description phénotypique

C'est un animal de petite taille 50-65 cm, à laine mécheuse blanc brillant (Azoulai), robuste, le poids adulte est environ 45-50 kg pour les mâles et 35-40 kg pour les femelles (Figures 14a et 14b).

- ✓ **Couleur** : généralement blanche, marrons, peut être noire ou noire à tête de couleur,
- ✓ **Tête** : la tête est courte, fine avec des oreilles courtes, fines et horizontales,
- ✓ **La laine** : la mèche de la laine est longue et blanche parfois mélangée de marron et noire, non frisée, toison ouverte largement retombante.

Selon les éleveurs, elle est bonne laitière dont le lait est utilisé pour la consommation familiale. Les éleveurs préfèrent cette race pour sa rusticité vis-à-vis des pathologies parasitaires et au froid. La qualité de la viande est médiocre.

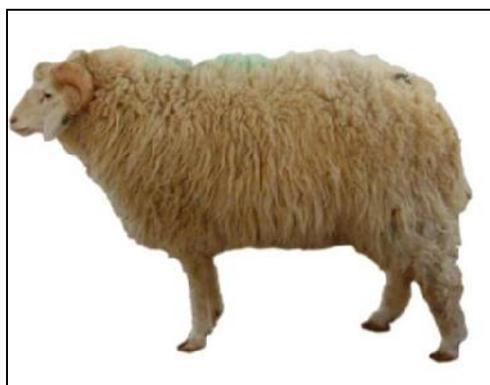


Figure 14a. Bélier Berbère (Chekkal et al., 2015)



Figure 14b. Brebis Berbère des montagnes de Bouhadjar (Djaout et al., 2015a)

4.2.4. Race Barbarine

La race Barbarine appelée race d'Oued Souf (nommée "Guebliya") est présente dans cette région avec des effectifs très faibles influencés par le développement de la race Ouled Djellal. Elle résiste à la chaleur et à la sécheresse et montre une très bonne adaptation aux parcours sablonneux du Sahara. De plus, les animaux de cette race à demi-queue grasse subit une forte migration vers la Tunisie. Cette race a diminué de 60 % entre 1990 et 2000 (Laaziz, 2005).

Description phénotypique

C'est une race caractérisée par une capacité à accumuler des réserves graisseuses dans la partie antérieure de sa queue, cette dernière représente une réserve d'énergie et d'eau métabolique, c'est une forme de résistance et d'adaptation aux milieux désertiques et chauds

(FAO, 1977). Ceci dit, ces animaux ont perdus actuellement la graisse au niveau de leurs queues et cela suite à la sécheresse qui a sévi depuis plus de 5 ans dans la région d'Oued Souf au niveau des frontières tunisiennes (Sud tunisien).

Cette race est essentiellement élevée en système traditionnel où les fluctuations des disponibilités alimentaires sont importantes en conséquence des changements climatiques. De ce fait, la brebis Barbarine est sujette à de fortes variations de poids vif (PV) et d'état corporel (EC), avec des mobilisations de réserves corporelles en cas de sous-alimentation et récupération en meilleures conditions alimentaires (Bedhief *et al.*, 2013). Il a été démontré que la Barbarine en déficit alimentaire peut perdre plus de 6 kg de son PV entre le début de la lutte et l'agnelage (Khaldi, 1989). Ils existent à l'intérieur de cette race deux groupes (Djaout *et al.*, 2015a):

- **Type à toison fermée** semi-envahissante (c'est le type originel), c'est le type trouvé dans la région de Taleb El-Arbi (Oued Souf). Ces animaux de petite taille ont la laine blanche, la tête et les membres peuvent être blancs, bruns, noirs ou pigmentés. Les cornes sont développées chez le mâle alors que quelques femelles ont des cornes courtes et orientées vers l'arrière. Les oreilles sont petites et semi-horizontales (Figure 15a).
- **Type à toison ouverte** à mèches longues et pointues (influence orientale), c'est le type élevé dans la station ITELV de Saïda. Ces animaux de taille moyenne sont longilignes avec une laine presque envahissante qui couvre tout le corps. La tête et les membres sont blanches (Figure 15b).



Figure 15a. Brebis Barbarine au Sahara d'Oued Souf (Djaout *et al.*, 2015a)



Figure 15b. Bélier Barbarine à l'ITELV Saïda (Djaout *et al.*, 2015a)

5. Répartition géographique des races ovines algériennes

Il ressort de la **figure 16** que le cheptel ovin est réparti sur tout le territoire algérien mais globalement, les ovins se concentrent dans la zone semi-aride steppique (près de 70% de l'effectif total). Cette zone est comprise entre les isohyètes pluviométriques 200 – 350 mm.

La race Ouled Djellal occupe la majeure partie des régions nord, au niveau de la steppe et s'implante aussi au Nord du Sahara. Récemment, cette race a connu une extension au niveau du tell, de la steppe et du Nord du Sahara, ce qui a provoqué le rétrécissement des aires de répartition des races Hamra, Berbère, Barbarine, Taâdmit, Rembi et D'Men (**Gaouar et al., 2005 ; Gaouar, 2009**).

Malgré que les performances de reproduction ne soient pas supérieures à celles des autres races algériennes, cependant la rusticité dans les différentes conditions et la productivité pondérale de cette race explique sa rapide diffusion sur l'ensemble du pays, où elle tend à remplacer certaines races dans leur propre berceau, tel que la race Hamra (**Lafri et al., 2011**), cette rusticité est conférée à la race seulement dans le cas où la diffusion de cette dernière se fait par assimilation, ces effets étant le résultat de l'introggression des caractères de résistance par la race autochtone. L'introduction de cette race, notamment, dans l'Ouest de la steppe a causé un véritable problème écologique du fait de son comportement de déracinement des végétaux lors du broutage (ceci n'est pas le cas de la race Hamra).

Le berceau de la race Hamra était étendu du Chott Chergui à la frontière marocaine (**Chellig, 1992**), elle est rencontrée également au niveau du piémont de l'atlas saharien. Actuellement, la race Hamra est localisée surtout au niveau de la région Ouest de la steppe au niveau des Wilayas de Saïda, El Bayed, Nâama et Tlemcen. **Meradi et al (2013)** indiquent que la race Hamra pure n'existe qu'aux niveaux des institutions étatiques de préservation, notamment à l'ITELV station Ain El Hdjar (wilaya de Saida), au CNIAAG et chez les éleveurs conventionnés avec l'ITELV. Mais elle existe aussi au niveau de l'Est Algérien (Tébessa, Souk Ahras, El-Tarf et Constantine) où les éleveurs préfèrent croiser les mâles de cette race avec les femelles de la race Ouled Djellal ou de la race Berbère pour améliorer la qualité bouchère de ces dernières (**Djaout et al., 2015a**).

L'aire de répartition de la race Sidaoun est située dans le sud-ouest Algérien allant de Béchar et passant par Adrar jusqu'à Djanet.

L'aire de répartition de la race Rembi est comprise entre le chott El-Gharbi à l'ouest et l'oued-Touil à l'est, on peut le retrouver au nord jusqu'au piémont du massif de l'Ouarsenis.

La race D'Men est répandue dans les oasis du sud-ouest Algérien : Gourara, Touat, Tidikelt et va jusqu'à El-Goléa à l'est et se prolonge dans les zones désertiques au sud de Bechar sous le nom de race de Tafilalet, ou D'men. La race est très bien implantée au Maroc, c'est là où elle est mieux étudiée et bien préservée.

Selon la bibliographie, l'aire de répartition de la race Berbère est la chaîne montagneuse du Nord de l'Algérie (Souk Ahras, Maghnia, Tlemcen, Jijel, Edough, Ouarsenis, et les montagnes de Tiaret (**Chellig, 1992**). Mais les résultats d'enquête récents dans la région montagneuse de Jijel et les montagnes de Tiaret montrent que cette race est absente de ces régions et s'est faite substituée par la race Ouled Djellal et Hamra. Cette race n'est présente, actuellement, que dans les chaînes montagneuses du nord Algérien (**Djaout et al., 2015a**).

L'aire de répartition de la race Barbarine est limitée à l'est Algérien par l'erg oriental à l'est de l'Oued Rhigh et dans les régions avoisinantes de la frontière Tunisienne.

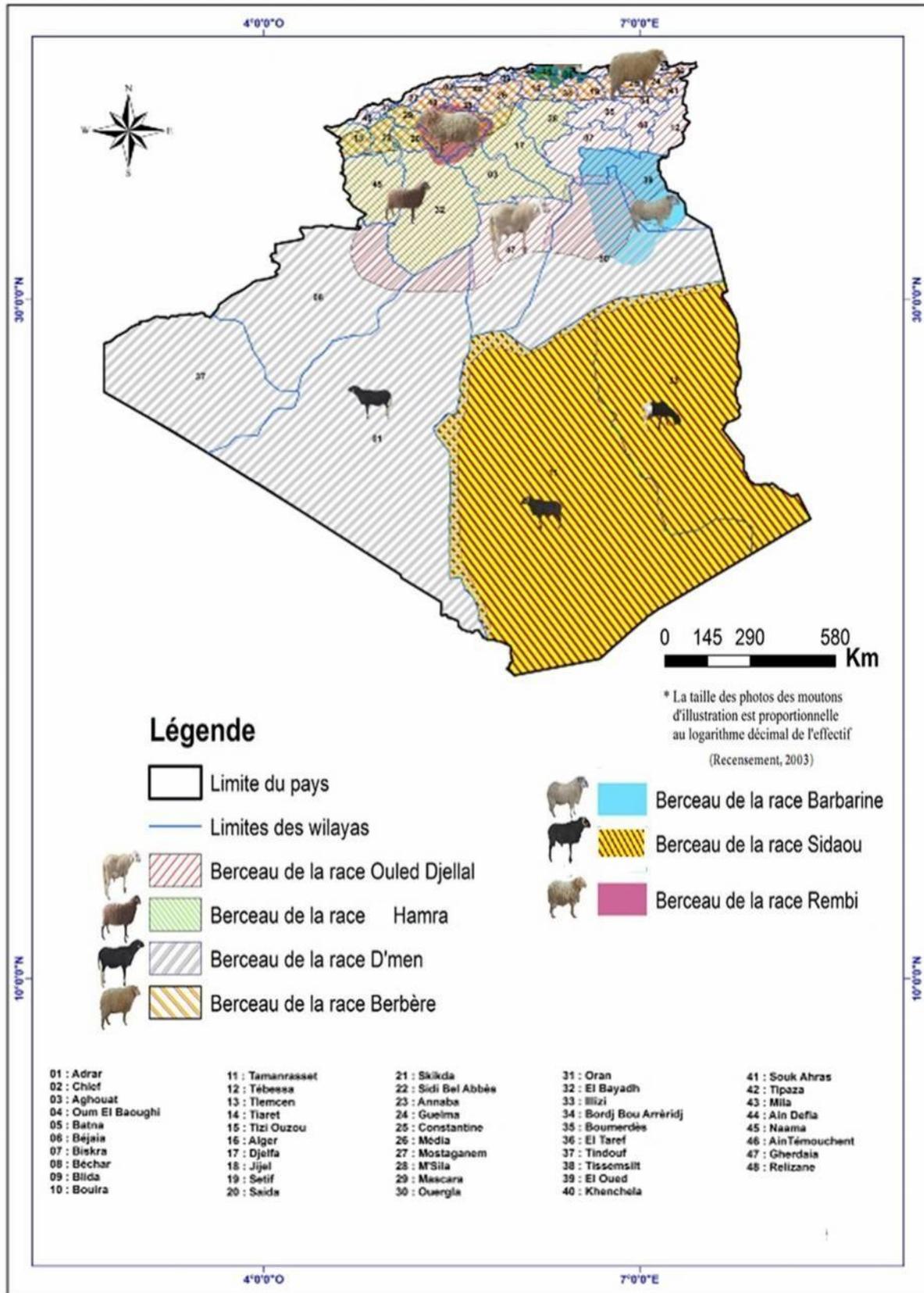


Figure 16. Aire de répartition des races ovines algériennes (Chekkal et al., 2015)

6. Systèmes de production

Jadis, l'élevage du mouton était conduit à majorité de façon traditionnelle et extensif où son alimentation est largement basée sur la valorisation des «unités fourragères gratuites» (**Rondia, 2006**), particulièrement des ressources végétales naturelles spontanées, des parcours pastoraux, des terres en jachères et des sous-produits des céréales (paille et chaume) mais actuellement, les systèmes de production sont généralement fragiles. Cependant, avec l'émergence des problèmes liés au pastoralisme et à la dégradation des parcours induite par la sédentarisation de la population steppique, l'alimentation des ovins est de plus en plus dépendante des apports alimentaires exogènes et peu intégrés (orge en grain, son, concentré commerciale). Le pastoralisme en tant que système de production ancestral tend en effet à disparaître.

Globalement, les systèmes de production ovins pratiqués peuvent être classés en quatre catégories en fonction des conditions naturelles et du mode de conduite d'élevage :

- ✓ ***Le système extensif de type pastoral:*** ce mode d'élevage pratiqué essentiellement par les nomades est en nette régression. De même le nomadisme ancestral constitué de grandes transhumances (*âchab et azaba*) a tendance à disparaître laissant place à une transhumance faite de déplacements internes entraînant ainsi un surpâturage de la steppe.
- ✓ ***L'agro-pastoralisme :*** C'est l'association des cultures céréalières et de l'élevage. La conduite des troupeaux est dominée par ce système, conditionné par l'influence des conditions naturelles (le climat, la nature de la végétation, les précipitations, etc.) et aussi par le savoir de conduite ancestrale du mouton. Ce système est réparti dans les régions céréalières et dans les périmètres irrigués. Bien qu'il soit aussi extensif, il se distingue, grâce à son intégration dans l'agriculture et à sa moindre dépendance des parcours et par des performances zootechniques légèrement meilleures que celles du système pastoral (**Rondia, 2006**). La productivité de l'Unité Zootechnique (UZ – 1 brebis suitée) ovine reste néanmoins faible, allant de 13 à 26 kg de poids vif/an.
- ✓ ***Elevage semi intensif sédentaire:*** situé autour des agglomérations pour l'engraissement à base d'une alimentation composée essentiellement d'orge et de concentré.

- ✓ **Le système oasien** : ce système se rencontre essentiellement au sud du pays (dans des oasis en général). En combinant plusieurs productions végétales et animales, le système oasien réussit à maintenir en équilibre des systèmes de production très performants et à haute valeur ajoutée. Ainsi, sa productivité dépasse celle des autres systèmes d'élevage ovin avec une production moyenne autour de 30 à 35 kg de poids vif/UZ/an (**Rondia, 2006**).

CHAPITRE III : BIODIVERSITE ET RESSOURCES GENETIQUES ANIMALES

1. Définition de la biodiversité

Le terme "biodiversité" vient de la contraction de l'expression anglaise "biological diversity", c'est à dire "diversité biologique". **Thomas Lovejoy** serait le premier à avoir utilisé l'expression "diversité biologique" en 1980 tandis que ce terme lui-même a été inventé par **Walter G. Rosen en 1985** lors de la préparation du « National Forum on Biological Diversity » organisé par le « National Research Council » en 1986 puis il a été employé officiellement pour la première fois en 1988 par l'entomologiste américain **E.O. Wilson** et largement utilisé dans les années quatre-vingt-dix, tant dans les médias que dans les milieux scientifiques et gouvernementaux. Auparavant, on parlait de "diversité du vivant", au sens étymologique du terme, c'est tous les processus, les modes de vie ou les fonctions qui conduisent à maintenir un organisme à l'état de vie (**Magdelaine, 2015**).

La **Convention sur la diversité biologique (CDB)** adoptée le 22 mai 1992 à l'occasion d'un événement planétaire, en l'occurrence, la Conférence de Rio de Janeiro (Brésil), appelée également « Sommet de la Terre » définit la biodiversité comme étant « la variabilité des organismes vivants de toute origine y compris, entre autres, les écosystèmes terrestres, marins et autres écosystèmes aquatiques et les complexes écologiques dont ils font partie; cela comprend la diversité au sein des espèces et entre espèces ainsi que celle des écosystèmes » (**article 2 de la Convention**).

La "biodiversité" qui regroupe la totalité des espèces vivantes sur Terre est devenue un des principaux enjeux dans la protection de l'environnement mondial, elle est non seulement une ressource naturelle renouvelable, mais aussi un patrimoine pour l'humanité. Sa conservation favorise simultanément la régénération d'autres ressources telles que l'eau, l'air et le sol.

La biodiversité s'évalue souvent suivant trois niveaux (**Magdelaine, 2015**):

- ✓ La diversité génétique (des gènes) : C'est la diversité qui existe au sein d'une espèce, entre les individus d'une même espèce chez les plantes, les animaux, les champignons et les micro-organismes ;
- ✓ La diversité des espèces ou diversité spécifique: c'est celle qui distingue les espèces les unes des autres ;
- ✓ La diversité des écosystèmes : elle comprend toutes les différentes communautés avec leurs biotopes existant sur Terre (animales, végétales, microscopiques) en interaction les unes avec les autres et avec leurs milieux.

2. Situation mondiale de la biodiversité des ressources génétiques animales (RGA)

Les chercheurs ont identifié et décrit 1,7 million de types d'organismes vivants différents sur notre planète dont 1,3 millions espèces animales. Chaque année ils découvrent entre 10 000 et 16 000 nouvelles espèces qui enrichissent le catalogue du vivant (CNRS, 2010). Mais, depuis quelques années ce patrimoine d'une valeur considérable est fortement menacé, certaines espèces disparaîtront avant même d'être découvertes à cause de la destruction de leurs habitats, leurs surexploitations, la pollution (de l'air, de l'eau et du sol), et récemment les changements climatiques (sécheresse, inondations, épizooties).

De nombreux biologistes ont conclu que la terre est au milieu d'une crise d'extinction massive de la biodiversité causée par les activités humaines (Régner *et al.*, 2015), essentiellement par leur mode de vie et leurs comportements. Ceballos *et al* (2015) ont estimé la vitesse à laquelle la biodiversité s'érode sous la pression des hommes. Suffisant pour parler aujourd'hui d'une « sixième vague extinction », puisque la terre a connu 5 grandes crises d'extinction, ce taux n'est pourtant, comme l'écrivaient les auteurs, que l'évaluation la plus optimiste possible.

Dans la dernière édition de la liste rouge mondiale (version 2015.2), sur les 77340 espèces étudiées, 22784 sont classées menacées. Parmi ces espèces, 13% des oiseaux et 25% des mammifères sont menacés d'extinction au niveau mondial, soient une espèce de mammifères sur quatre et un oiseau sur huit.

ETC Group¹, (ONG canadienne spécialisée sur les questions de développement durable) annonce que 75 % de la biodiversité agricole a déjà disparu et 5% de la diversité des espèces animales élevées se perdent chaque année.

La Liste rouge de l'**Union Internationale pour la Conservation de la Nature (UICN)** est reconnue comme l'outil le plus fiable au niveau mondial pour recenser l'ensemble des espèces en danger, en voie d'extinction ou disparues dans le monde. Fondée sur une solide base scientifique, elle met en lumière l'urgence et l'étendue des problèmes de conservation de la biodiversité dans le monde grâce à des critères précis et établit cette liste depuis 50 ans. En d'autres termes, c'est un indicateur privilégié pour suivre l'état de la biodiversité dans le monde. Avec le système de la Liste rouge de l'UICN, chaque espèce ou sous-espèce peut être classée, en fonction des menaces réelles qui pèsent sur elles, dans l'une des neuf catégories suivantes : Eteinte (EX), Eteinte à l'état sauvage (EW), En danger critique (CR), En danger (EN), Vulnérable (VU), Quasi menacée (NT), Préoccupation mineure (LC), Données insuffisantes (DD), Non évaluée (NE).

Les ressources génétiques animales constituent le patrimoine biologique de base pour le développement de l'élevage, et sont vitales pour la sécurité alimentaire, la nutrition et le développement rural durable. Et pourtant, leur diversité disparaît également à un rythme alarmant. Sur plus de 30 espèces de mammifères et d'oiseaux d'élevage, seules 14 assurent des produits d'élevage, 90% destinés à la consommation (**FAO, 2015a**).

En 2000 l'analyse d'une enquête mondiale de la FAO a révélé que les races domestiques s'éteignent progressivement à un rythme de 1% par an. Cette enquête disposait de données sur 6379 races recensées à travers 170 pays.

Selon le premier rapport de « *l'État des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde* » (**FAO, 2007a**), une race domestique a disparu tous les mois au cours des sept dernières années et environ 20% des races d'animaux d'élevage sont menacées: 1500 des 7600 races de la planète pourraient disparaître définitivement dans un avenir proche et ne peuvent être remplacées. Il s'agit de la première évaluation faisant autorité sur la question à partir des informations en provenance de 169 pays. Pour la FAO, lorsque la population d'une

¹<http://www.etcgroup.org>

race diminue jusqu'à n'atteindre plus que 1 000 animaux, celle-ci est considérée comme rare et menacée.

Actuellement, il existe quelque 8 800 races appartenant à 38 espèces de 182 pays dont 7% ont disparu (FAO, 2015a). La proportion de races d'animaux d'élevage classées à risque d'extinction dans le monde a augmenté de 15 à 17 pour cent entre 2005 et 2014. Par ailleurs, le degré de risque reste inconnu pour 58 pour cent des races en raison du manque de données démographiques récentes. Il est donc probable que le nombre de races classifiées comme étant à risque ait été sous-estimé (FAO, 2015b). La **Figure 17** illustre la diversité des animaux d'élevage dans le monde avec leur état de risque dans chaque continent.

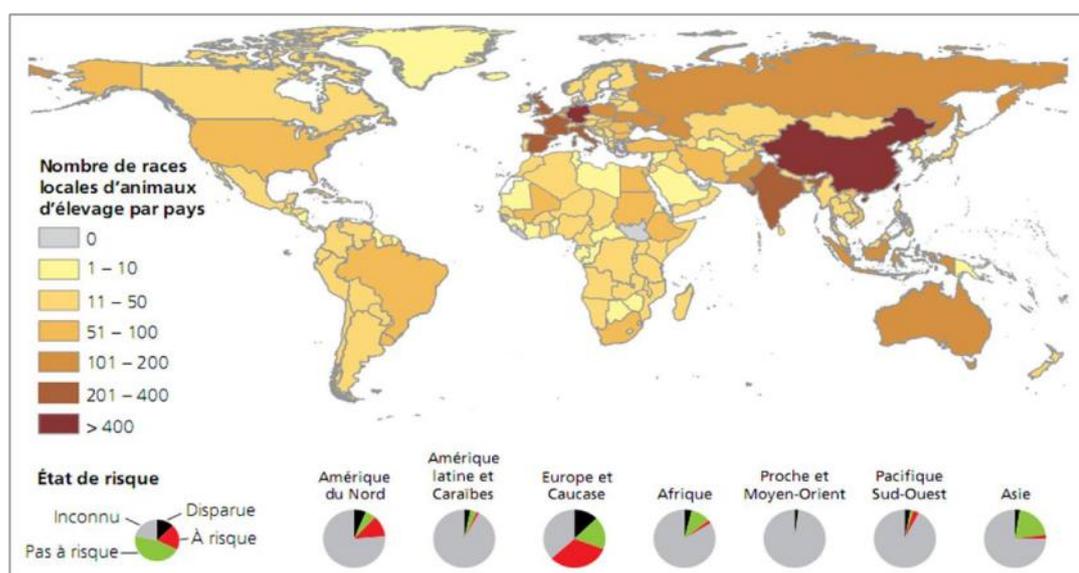


Figure 17. Diversité des animaux d'élevage dans le monde (FAO, 2015b)

Les pertes d'animaux domestiques dues aux sécheresses et aux inondations ou à des épizooties en rapport avec les changements climatiques seront peut-être nombreuses à l'avenir selon la FAO. Il est aujourd'hui bien connu que le stress dû à la chaleur a pour effet de réduire les rendements de la reproduction et de la production dans les élevages. Une étude récente relative aux impacts du changement climatique sur les diverses espèces animales a révélé que lorsque les températures oscillent entre 10 et 30°C, la plupart des espèces animales telles que les bovins, les ovins, les caprins et la volaille ont leur meilleur rendement. Par contre, pour chaque degré Celsius au-delà de 30°C, toutes les espèces réduisent leur ration alimentaire de 3 à 5 pour cent (Thornton, 2015).

En 2009, des stratégies et des plans d'action nationaux pour les ressources zoogénétiques ont été préparées (FAO, 2009). En juin 2015, la Conférence de FAO à sa trente-neuvième

session, a approuvé les Directives volontaires à l'appui de l'intégration de la diversité génétique dans les plans nationaux d'adaptation au changement climatique (FAO, 2015c).

Toutefois, la perte en biodiversité engendre un coût économique évalué à 14 billions d'euros (9 Billion = mille milliards) d'ici 2050, d'après le rapport *The Economics of Ecosystems and Biodiversity (TEEB, 2010)*. 80 % de cette perte de biodiversité affectent directement la subsistance et la vie quotidienne des 3,2 milliards d'humains vivant avec moins de 2 dollars par jour.

La sauvegarde de la biodiversité est actuellement le principal souci des Etats et Gouvernements, organisations internationales (Union mondiale pour la nature, Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture, Banque Mondiale) parlementaires, ONG internationales (Conservation International, Organisation mondiale de protection de l'environnement, World Conservation Society), communautés scientifiques, organisations socioprofessionnelles, etc. de ce monde pour que la nature et les écosystèmes restent sains.

Pour faire face à cette situation critique, de nombreuses actions et initiatives ont été mises en œuvre dans le domaine de la conservation, de la préservation et de l'utilisation durable de la biodiversité mondiale, y compris les ressources génétiques animales destinées à l'alimentation et à l'agriculture. Même s'il reste encore beaucoup à faire, ces actions sont de plus en plus efficaces. Dès lors, diverses conventions internationales ont été mises en œuvre.

En 1992 s'est tenu la Conférence des Nations Unies sur l'environnement et le développement à Rio de Janeiro (sommet de la planète Terre) durant laquelle la **Convention sur la diversité biologique (CDB)** a été lancée. Depuis, 191 pays ont signé cette Convention et se sont en effet dotés de programmes et réglementations nationaux qui fixe 3 objectifs : La conservation de la diversité biologique, l'utilisation durable de ses éléments et le partage juste et équitable des avantages découlant de l'exploitation des ressources génétiques. Cet accord international est entré en vigueur à la fin de 1993. L'adoption de cette convention marque l'instauration des premières règles internationales concernant les droits d'accès et de propriété sur les ressources génétiques. Les populations animales sélectionnées, encore appelée Ressources Génétiques Animales (RGA) font bien partie intégrante de cette convention. Plus tard, en 2002, un engagement fort a été pris lors du sommet de Johannesburg : « assurer, d'ici 2010, une forte réduction du rythme actuel de perte de diversité biologique aux niveaux mondial, régional et national.

Pour la mise en œuvre de la CDB, en octobre 2010 à Nagoya, Préfecture d'Aichi, au Japon, s'est tenue la **conférence mondiale sur la biodiversité de Nagoya (COP 10)**, plus connue sous le nom de conférence de Nagoya, durant laquelle, les Etats parties à la Convention sur la diversité biologiques ont adopté un nouveau plan stratégique (révisé et actualisé) comportant des objectifs clairs et ambitieux dit « protocole APA » (accès et partage des avantages) pour lutter contre la perte de biodiversité d'ici à 2020. Le défi majeur du plan adopté prévoit de sauver à l'horizon 2020 toutes les espèces connues et menacées à l'heure actuelle d'un risque d'extinction. Pour rappeler, le protocole international de Nagoya, est en quelque sorte la compensation de l'échec du sommet de Copenhague sur le réchauffement climatique en 2009.

La protection de la biodiversité est donc l'un des enjeux majeurs actuels, comme le montre le choix de l'Organisation des Nations Unies (ONU) qui a déclaré l'année 2010 « Année internationale de la biodiversité (IYB) » et chaque année, le 22 mai, le monde célèbre la Journée internationale de la diversité biologique afin de sensibiliser le public à l'importance de la biodiversité.

Reconnaissant qu'il est nécessaire de mettre en place un cadre efficace de gestion des RGAn et de faire face à la menace d'érosion génétique, 109 pays se sont réunis en septembre 2007 à l'occasion de la première *Conférence technique internationale sur les ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture*, qui a eu lieu à Interlaken (Suisse) à l'initiative de la FAO. Cette conférence a donné naissance au premier rapport sur l'état des ressources génétiques animales dans le monde comprenant une analyse de certaines causes clés qui sont à l'origine de la destruction de la biodiversité des animaux d'élevage et de l'épuisement des moyens de vie des communautés locales qui nourrissent cette diversité (FAO, 2007a).

Par la même occasion, la communauté internationale a adopté le *Plan d'action mondial pour les ressources zoogénétiques (PAM)* qui a maintenant remplacé la « *Stratégie mondiale pour la gestion des ressources génétiques des animaux d'élevage* » (FAO, 1999), mise en œuvre en 1993. Le PAM a été ultérieurement approuvé par la 34ème Conférence de la FAO sur la sécurité alimentaire mondiale et les défis mondiaux. Celui-ci inclut 23 priorités stratégiques d'action regroupées en quatre domaines prioritaires: caractérisation et surveillance; utilisation durable et mise en valeur; conservation; et politiques, institutions et renforcement des capacités visant à promouvoir une gestion rationnelle de ces ressources vitales à long terme. La FAO soutient la mise en œuvre du PAM en facilitant la collaboration et les réseaux mondiaux et

régionaux, en contribuant à l'organisation de conférences intergouvernementales, en maintenant et en développant le Système d'Information sur la Diversité des Animaux Domestiques (DAD-IS), en mobilisant les ressources de donateurs pour les ressources zoogénétiques et en coordonnant la préparation de rapports sur la situation et l'évolution mondiale des RGAn.

A l'échelle régionale, l'utilisation durable, le développement et la conservation des ressources zoogénétiques de l'Afrique sont d'une importance fondamentale pour l'agriculture, la production alimentaire, le développement rural et l'environnement afin de promouvoir l'amélioration de la sécurité alimentaire et la lutte contre l'extrême pauvreté sur ce continent.

Conscient de cet enjeu, le Bureau Interafricain des Ressources Animales de la Commission de l'Union Africaine (UA-BIRA) est chargé d'accomplir cette mission en soutenant et en renforçant les capacités des États Membres de l'UA et des Communautés Économiques Régionales (CER). Récemment, l'Algérie à travers l'INRAA a été désignée pour assurer le secrétariat régional du Bureau.

Afin de mener à bien cette mission, l'UA-BIRA a reçu un soutien financier de l'Union européenne (UE) pour la mise en œuvre du projet qui met l'accent sur *«Le renforcement des capacités des pays africains à la conservation et l'utilisation durable des ressources génétiques des animaux d'Afrique»*.

Au niveau national, l'Algérie, à l'instar de beaucoup de pays du monde, renferme une diversité de ressources biologiques considérable. Entre 2000 et 2014, l'inventaire de la biodiversité, s'est nettement étoffé. Le rapport national sur la mise en œuvre de la CDB au niveau national élaboré en 2000, comptabilisait 9 893 espèces tous groupes taxonomiques confondus, parmi lesquelles 5 128 étaient introduites. Aujourd'hui, la biodiversité Algérienne s'est accrue de près du tiers de sa valeur initiale puisque 13 318 espèces sont aujourd'hui inventoriées au niveau du territoire national (MATE/PNUD, 2014).

L'Algérie à travers ses différentes structures administratives a montré un souci constant de la préservation de la biodiversité. En effet, différents départements ministériels ont développé et mis en œuvre des programmes visant à préserver durablement la diversité biologique. Les différents plans d'actions engagés par le pays se recoupent en partie avec les objectifs d'Aichi

notamment, la réduction au minimum l'érosion génétique des animaux d'élevage et la sauvegarde de leur diversité génétique (MATE/PNUD, 2014).

La signature et la ratification par l'Algérie de la CDB le 06 juin 1995, constitue une étape importante dans la prise en charge de ce capital précieux qui conforte la place de notre pays dans la préservation de la diversité biologique à l'échelle planétaire et dans l'édification d'un développement durable. L'Algérie est, également parmi, les premiers pays signataires du protocole de Nagoya sur la biodiversité (le 02 février 2011).

Après la signature de la CDB, l'Algérie a fait beaucoup d'efforts en faveur de la biodiversité et pour marquer son engagement, le gouvernement s'est doté en 2000 d'une stratégie nationale de conservation et d'utilisation durable de la diversité biologique dénommée SPANB « **Stratégie et Plans d'Actions Nationaux pour la Biodiversité** » qui a fait l'objet ensuite de révision et d'actualisation dans le cadre du projet de partenariat entre le Gouvernement algérien, le FEM (Fonds pour l'Environnement Mondial) et le PNUD (Programme des Nations Unies pour le Développement), intitulé « *Planification nationale sur la diversité biologique et mise en œuvre en Algérie du Plan Stratégique de la Convention sur la Diversité Biologique pour 2011-2020 et des Objectifs d'Aichi* ». Le but de ce projet, mise en œuvre entre 2013 et 2015, est de permettre à l'Algérie d'honorer ses engagements vis-à-vis de la CDB dans les processus de planification nationaux conformément aux lignes directrices de la COP 10.

L'Algérie accorde un intérêt requis aux ressources génétiques animales locales. En mars 2001, le Gouvernement Algérien a reçu une invitation par le Directeur Général de la FAO à présenter un rapport national sur les ressources génétiques animales. En octobre 2002 lors de la 9^{ème} Session ordinaire de la FAO sur les Ressources Génétiques Animales, l'Algérie a été élue membre du Groupe de travail technique intergouvernemental sur les ressources zoogénétiques et membre permanent de la Commission des Ressources Génétiques pour l'Agriculture et l'Alimentation (CRGAA) sous l'égide de la FAO. Elle participe régulièrement à la mise en œuvre du Programme Mondial pour la gestion des ressources génétiques des animaux d'élevage [FAO-DAD-IS].

Le Ministère de l'Agriculture et du Développement Rural (MADR), par le biais de son Bureau des Ressources Génétiques a désigné l'Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie (INRAA) comme point focal des Ressources Génétiques et a nommé une Commission Nationale des Ressources Génétiques Animales pour l'élaboration de ce rapport qui servira de

base à la définition des priorités nationales en matière d'intervention pour freiner, à défaut de stopper, le processus d'érosion génétique précité (**AnGR, 2003**). Le rapport contenant des informations détaillées sur les espèces et les races a été réalisé et disponible sur le Système d'Information sur la Diversité des Animaux Domestiques, développé par la FAO.²

Aussi, l'Algérie a adopté la déclaration d'Interlaken et s'est engagée à la mise en œuvre du Plan d'action mondial pour les ressources zoogénétiques et à fournir sa contribution à la préservation et à l'utilisation durable de ces ressources, notamment la préservation in situ et ex-situ des races d'animaux d'élevage rares et menacées. Malgré les efforts consentis, nos ressources génétiques animales ne sont pas épargnées, non plus, d'une menace de disparition. C'est le cas des races ovines locales à petits effectifs: Hamra, Tazegzawt et Taâdmit, D'men, Barbarine, Berber, etc. qui nécessitent impérativement une protection et une valorisation.

3. Importance de la biodiversité des animaux d'élevage

Les espèces animales fournissent, de par leur diversité, des biens irremplaçables à l'humanité. De tout les temps, les animaux d'élevage ont représenté un élément essentiel des systèmes de production agricole. Toutefois, les produits issus de l'élevage (viande, lait, œufs, laine, cuir, etc.) représente 40 % de la valeur de la production agricole mondiale. Dans certains pays en développement, leur contribution est particulièrement importante (**FAO, 2006**).

Selon la FAO, la biodiversité d'environ 35 espèces animales domestiquées destinées à être utilisées dans le domaine de l'agriculture et de la production alimentaire constitue le patrimoine biologique de base pour développer l'élevage, et elle est essentielle pour la sécurité alimentaire et le développement rural durable.

La FAO utilise le terme « ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture » pour décrire des espèces de mammifères et d'oiseaux qui sont utilisés, ou ont le potentiel d'être utilisés pour l'agriculture et la production alimentaire.

La diversité des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture sont analysées généralement en termes de races. Cependant, il a été difficile d'établir une définition du terme «race» est applicable dans le monde entier. La FAO utilise la définition suivante, qui reconnaît les ambiguïtés inhérentes à l'expression :

²<http://www.fao.org/dad-is>

Le mot race désigne principalement des espèces d'animaux domestiquées ayant des caractères morphologiques et physiologiques héréditaires distincts des autres populations; soit d'un groupe qui, parce qu'il a été séparé de groupes appartenant au même phénotype pour des raisons géographiques ou culturelles s'est imposé comme un groupe à part entière (**FAO, 1999**).

Les animaux d'élevage actuellement exploités dans l'agriculture algérienne sont constitués par des ensembles assez hétérogènes qui occupent des écosystèmes très différents. Ils sont représentés par le bovin, l'ovin, le caprin et le dromadaire et en moindre importance l'équin pour le gros bétail. Ces ressources génétiques animales constituent la base biologique de la sécurité alimentaire et pour le développement économique (**Abdelguerfi et Ramdane, 2003**).

Enfin, « la biodiversité nous fournit, par le biais des services écologiques, les conditions favorables à la vie sur la Terre, alors préservons-la » (**CNRS, 2010**).

CHAPITRE IV : METHODES DE CARACTERISATION DES ANIMAUX D'ELEVAGE

La caractérisation des ressources zoogénétiques réunit toutes les activités associées à l'identification, à la description qualitative et quantitative, et à la documentation des populations animales. Le but est d'obtenir une meilleure connaissance des ressources zoogénétiques, de leurs utilisations présentes et, éventuellement, futures pour l'alimentation et l'agriculture dans des environnements définis, et leur état actuel en tant que populations raciales différentes (**FAO, 1984; Rege, 1992**).

L'objectif de la caractérisation est d'obtenir une meilleure connaissance des RGAn. Cette connaissance est essentielle pour mettre en place des systèmes de gestion, de conservation et d'amélioration. Cinq types d'informations - phénotypique, génétique, historique, biochimique et même zootechnique sont nécessaires pour caractériser la variabilité des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (**Verrier *et al.*, 2005 ; FAO, 2013**).

D'une manière générale, la caractérisation des races animales se fait suivant plusieurs méthodes qui peuvent être morphobiométriques, biochimiques ou immunogénétiques, cytogénétiques ou moléculaires (analyse des marqueurs directement situés sur l'ADN).

1. Enquêtes de terrain

Dans le domaine de la caractérisation des animaux domestiques, le terme «enquête» est utilisé pour désigner toute activité structurée visant à obtenir des données et des informations sur les RGA, sur leurs environnements de production, leurs utilisations, leur gestion et les menaces qui les affectent. Les informations sont assez faciles à collecter dans le cas où les exploitations sont bien structurées et gérées par l'utilisation de registres réguliers de généalogie et des caractéristiques et performances individuelles (FAO, 2012).

Une analyse de la diversité génétique passe évidemment par un échantillonnage représentatif de la population étudiée. Le choix de la méthode d'échantillonnage doit être raisonné en fonction du projet de recherche (moyens financiers et humains) et des populations analysées (races répertoriées, populations autochtones ou sauvages) (FAO, 2012), en essayant d'éviter, au maximum, les biais d'échantillonnage. L'un des principaux risques de biais, lors de prélèvements sur des animaux pour mesurer la diversité génétique, est de sélectionner des individus trop proches les uns des autres (sur le plan de la généalogie) pour être représentatifs de la population réelle.

Dans ces conditions, la FAO recommande de prélever des individus non apparentés et la méthode la plus simple pour le faire consiste à tirer au hasard les individus à partir d'un échantillonnage aléatoire simple. Le nombre d'individus à échantillonner dans les populations fermées à faible effectif est plus faible que dans les populations largement réparties. De plus, le nombre de mâles et de femelles échantillonnées doit être plus ou moins égal (FAO, 2012). Dans le cas où le nombre total d'individus à analyser est limité par le coût, il est nécessaire de faire un compromis entre le nombre de races étudiées et le nombre d'individus par race (Leroy, 2008). 30 à 50 individus bien choisis par race sont suffisants pour fournir une première information sur la diversité intra-race (FAO, 2007a), cela dépend de la taille des effectifs et de l'outil de génotypage utilisé. Nous pouvons, toutefois, utiliser que 6 individus dans le cas des puces à ADN (Gaouar et al., 2017).

2. Méthode morphobiométrique

La caractérisation phénotypique correspond à la description des caractéristiques externes et de production des différentes races dans un environnement et un milieu de production donné, en tenant compte des facteurs socio-économiques qui les affectent. L'étude de la répartition géographique des races fait ici partie intégrante de la caractérisation phénotypique (FAO, 2013).

Le Plan d'action mondial pour les ressources zoogénétiques (FAO, 2007a) reconnaît qu'«une bonne compréhension des caractéristiques des races est nécessaire pour guider la prise de décision en matière de programmes de développement et de sélection des animaux d'élevage».

Toutefois, la caractérisation morphobiométrique donne souvent des indications imprécises sur le patrimoine génétique d'une espèce donnée, du fait du mode de transmission héréditaire généralement complexe et souvent mal expliqué. Pour cela, d'autres méthodes utilisant les produits d'expression des gènes ont été développées par la suite, notamment, biochimique, cytogénétiques et moléculaires.

3. Méthodes immunogénétique ou biochimique

3.1. Groupes sanguins

La première mise en évidence de variations biochimiques a été réalisée, au début du siècle dernier, sur les groupes sanguins ABO humains. Chez les ovins et les bovins, on connaît respectivement 8 et 13 systèmes sanguins répartis sur plusieurs loci polymorphes (Délacrétaz-Wolff, 1997). Les groupes sanguins sont essentiellement utilisés pour l'identification individuelle et les contrôles de filiation. Selon une étude réalisée sur les marqueurs utilisés actuellement pour la caractérisation de races ovines, caprines et bovines, les groupes sanguins sont analysés dans 9% des travaux concernés par cette étude (Baumung et al., 2004).

3.2. Protéines du sang

Cette technique est basée sur une migration différentielle des protéines à travers un gel sous l'effet d'un champ électrique. Les études de variantes protéiques ou allozymes (enzymes sériques, érythrocytaires et tissulaires) deviennent alors un outil standard pour l'investigation de

la variation biochimique et fournissent le premier moyen non biaisé d'estimer la variabilité du génome (**in Berber, 2015**).

Ces marqueurs ont été et sont encore largement utilisés pour des études de génétique des populations. **Grosclaude et al (1990)** ont étudié 13 allozymes dont 11 loci des groupes sanguins afin d'analyser les relations génétiques entre 18 races bovines françaises. Cette étude a permis la distinction entre quatre sous-groupes de races cohérents avec les données historiques et géographiques. De même **Randi et al (1991)** ont utilisé la technique des allozymes pour préciser les relations évolutives entre différentes espèces animales d'élevage. En effet, 15% des études de caractérisation récentes, sont réalisés en utilisant des allozymes (**Baumung et al., 2004**).

Seules les mutations qui entraînent un changement dans la charge de la protéine seront détectées, soit environ 8% des variations de l'ADN. Cette technique est simple et il est possible de la mettre en œuvre en l'absence de toute connaissance génétique de l'espèce. Les limites sont le faible nombre de locus analysés (entre 20 et 50 locus, tous n'étant pas polymorphes), en plus, ils ne sont pas tous accessibles (**Rognon et Verrier, 2007**) et parfois, ça nécessite même le sacrifice de l'animal.

4. Méthodes cytogénétiques

La cytogénétique est une science qui permet d'étudier le nombre, la forme et les anomalies des chromosomes chez une espèce ou dans une population donnée. Elle s'est développée avec la détermination du nombre exacte ($2n=46$) de chromosomes humains (**Tjio et Levan, 1956**). Après, les études du caryotype se sont étendues à de nombreux mammifères (**Matthey, 1973**). Cependant, ce n'est qu'avec la mise au point des techniques de colorations et de marquages chromosomiques que la cytogénétique a connu un développement considérable (**Casperson et al., 1970; Dutrillaux et Lejeune, 1971; Seabright, 1971; Sumner et al., 1971**). L'appariement des chromosomes homologues est devenu possible, ainsi que la classification selon des critères morphologiques pour chaque espèce. Ensuite, les techniques de marquages chromosomiques ont été développées et ont permis d'identifier avec précision les chromosomes et de détecter les anomalies structurales (**Dutrillaux, 1973; Popescu, 1990**).

5. Méthodes moléculaires

La caractérisation phénotypique doit être associée à la caractérisation moléculaire des ressources génétiques animales pour mesurer et décrire leur variabilité génétique (**FAO, 2013**).

5.1. Définition d'un marqueur génétique

Les marqueurs génétiques sont par définition des caractères héréditaires. Ce sont des fragments spécifiques (ou séquences) d'ADN localisés dans le génome servant de repère pour suivre la transmission d'un segment de chromosome d'une génération à l'autre (**Boichard et al., 1998**).

Les marqueurs génétiques les premiers à avoir été détectés sont constitués par des gènes dont l'expression phénotypique était facilement repérable et qui correspond à l'action de gènes majeurs (**Weiner et Rouvier, 2009**).

L'utilisation des marqueurs génétiques comme outils d'étude de la variabilité génétique de diverses populations a été rendue possible grâce au développement des nouvelles techniques de biologie moléculaire, particulièrement la PCR (Polymerase Chain Reaction). Le procédé PCR permet l'amplification d'un fragment donné d'ADN. Les marqueurs génétiques sont également utilisés pour rechercher les gènes qui gouvernent les caractères d'intérêt zootechnique.

D'après **Bretting et Widrlechner (1995)**, les marqueurs génétiques doivent réunir les caractéristiques idéales suivantes : polymorphes; multialléliques; codominants; ne pas avoir d'effet pléiotropique ou épistatique (son génotype peut être lu à partir de son phénotype quel que soit le génotype aux autres locus); être dispersés le long du génome; ne pas être liés entre eux; être insensibles au milieu; être stables à tous les stades du développement; ne pas avoir d'effet sur la croissance ou la reproduction sexuée; être sélectivement neutres; être facilement observables.

Les types de marqueurs génétiques les plus utilisés actuellement en génétique animale sont présentés en détail ci-dessous.

5.2. Marqueurs d'ADN mitochondrial

Les polymorphismes de l'ADN mitochondrial (ADNmt) ont été largement utilisés lors des analyses de la diversité génétique. L'ADN mitochondrial (ADNmt) se transmet par voie maternelle et sans recombinaison, ce qui permet l'accumulation de mutations dans chaque lignée (**Harrison, 1989**). Sa vitesse d'évolution est considérée comme 5 à 10 fois plus rapide que celle de l'ADN nucléaire (**Brown et al., 1979; Vawter et Brown, 1986**). Ces caractéristiques permettent aux biologistes de reconstruire les relations évolutives intra et interraciales par l'évaluation des modèles de mutations de l'ADNmt. Les marqueurs de l'ADNmt peuvent également fournir un moyen rapide de détecter l'hybridation entre les espèces et les sous espèces d'animaux d'élevage (**Nijman et al., 2003**).

La quasi-totalité de la séquence de l'ADNmt est codante, les gènes sont adjacents et ne contiennent pas d'introns. Les parties non codantes sont limitées à de courtes séquences et une partie plus longue correspondant à l'origine de réplication (D-loop). Plusieurs études ont suggéré que l'utilisation du polymorphisme de cette partie, très variable de l'ADN mitochondrial, est efficace pour la caractérisation intra et inter-races (**Bowling et al., 2000; Hill et al., 2002; Kavar et al., 2002; Yang et al., 2002**).

5.3. Marqueurs du Polymorphisme de Longueur des Fragments de Restriction (RFLP)

La méthode mettant en évidence les marqueurs RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) combine l'utilisation d'enzymes de restriction et de sondes génétiques (**Botstein et al., 1980**). Cette méthode, sous sa forme initiale ou méthode de Southern Blot, est laborieuse et ne permet pas de traiter aisément un grand nombre d'espèces domestiques. Il fallait attendre le couplage de cette technique avec la PCR qui a permis d'étudier le polymorphisme de restriction de nombreux gènes (**Klungland et al., 1995; Lagziel et al., 2000**) pour la caractérisation de races domestiques. Cependant, ces marqueurs sont toujours utilisés et **Baumung et al (2004)** estiment que 17% des études utilisent ces marqueurs pour la caractérisation de races domestiques.

La découverte d'enzymes de restriction bactériennes (endonucléase) a permis le développement de nouvelles techniques d'exploration de l'ADN, basées sur la coupure spécifique de séquences nucléiques par ces endonucléases (**Botstein et al., 1980**). A partir de

cette approche, la technique appelée RFLP a été développée. Cette méthode est basée sur la digestion de l'ADN, une séparation par taille des fragments d'ADN sur gels d'électrophorèse et une visualisation de séquences spécifiques d'ADN en utilisant des sondes marquées par radioactivité ou par des molécules fluorescentes.

5.4. Marqueurs d'Amplification Aléatoire d'ADN Polymorphe (RAPD)

Un autre type de marqueur moléculaire RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), récemment développé repose sur la mise en évidence de polymorphisme généré par l'amplification aléatoire de fragments d'ADN grâce à des amorces dont les séquences ont été définies arbitrairement (**Williams et al., 1990**). Cette méthode, couramment utilisée en cartographie génétique des plantes et en génétique des populations, génère des marqueurs dominants (**Pitel et Riquet, 2000**). **Rincon et al (2000)** ont utilisé cette technique pour l'étude de la variabilité génétique des races bovines créoles. Son principe repose sur l'utilisation d'amplification PCR d'amorces d'une dizaine de bases de séquence aléatoire et pouvant s'hybrider en plusieurs endroits du génome. **Rao et al (1996)** passent par l'approche des RAPD pour différencier génétiquement les espèces domestiques à l'échelle intra-spécifique. Néanmoins, des problèmes de reproductibilité et de transmission de ce type de marqueur ont limité son application chez les animaux (**Black, 1993; Karp et al., 1996**).

5.5. Marqueurs du Polymorphisme de Longueur des Fragments Amplifiés (AFLP)

Les AFLP (pour Amplified Fragment Length Polymorphism) sont des marqueurs moléculaires nucléaires bialléliques dominants qui mettent en évidence un polymorphisme de sites de restriction et un polymorphisme d'hybridation d'amorce arbitraire (**Vos et al., 1995**).

Tout comme la technique utilisée pour les RAPD, celle des AFLP ne requiert aucune connaissance préalable du génome à étudier. Elle permet une mise au point rapide, présente une bonne reproductibilité et révèle un grand nombre de locus, régulièrement répartis sur le génome et très polymorphes (**Vos et al., 1995 ;Ajmone-Marsan et al., 1997**). Son principe est basé sur la détection de bandes polymorphes entre individus dans un profil multi-bandes obtenu par digestion enzymatique puis amplifications PCR sélectives. Le produit final de ces amplifications est visualisé sur gel de polyacrylamide grâce aux extensions fluorescentes des amorces (**Pitel et Riquet, 2000**).

Parmi les marqueurs moléculaires, les AFLP sont les moins utilisés en caractérisation, 7% des études de caractérisation de races domestiques sont réalisées en utilisant ces derniers (**Baumung et al., 2004**).

5.6. Marqueurs Minisatellite

Un autre type de marqueur moléculaire polymorphe, connu sous le nom de minisatellites hypervariables, a été découvert dans les années 80 (**Jeffreys et al., 1985**). Ces marqueurs sont constitués de répétitions en chaîne (en tandem) d'un motif formé d'une dizaine à une cinquantaine de bases (**Pitel et Riquet, 2000**). Ces séquences appelées aussi VNTR (Variable Number of Tandem Repeats), à nombre variable de répétitions, ont été appelées minisatellites par analogie à l'ADN satellite «vrai» qui se situe au niveau de l'hétérochromatine. Elles sont présentes plusieurs fois dans le génome réparties de manière hétérogène et sont très polymorphe, en raison de la variation du nombre de répétitions (**Pitel et Riquet, 2000**). Ainsi, **Trommelen et al (1993)** proposent les minisatellites comme outil d'identification des paternités chez les bovins.

Néanmoins, des difficultés concernant les quantités d'ADN requises, la visualisation et l'identification des allèles ont rapidement limité l'utilisation de cette technique.

5.7. Marqueurs microsatellites

Les microsatellites, également appelés Simple Sequence Repeat (SSR) ou Variable Number Tandem Repeat (VNTR) ou STR ("Single Tandem repeat": séquences répétées en tandem) (**Weber et May, 1989**) sont des marqueurs les plus utilisés pour l'étude du génome des animaux d'élevage (**Wiener et Rouvier, 2009**). Les microsatellites sont des courts segments d'ADN (non codant) constituées de répétition en tandem d'un motif de 2 à 6 nucléotides que l'on peut amplifier par PCR, très abondants chez les eucaryotes (50 à 100 000, par génome, suivant les espèces) (**Chambers et MacAvoy, 2000 ; Rognon et Verrier, 2007**). La longueur de ces séquences (le nombre de répétitions) est variable d'un individu à l'autre et d'un allèle à l'autre chez un même individu (**Boichardet et al., 1998**). Chaque microsatellite correspond à un locus unique dans le génome, parfaitement défini par les séquences uniques qui encadrent la répétition.

Les avantages de ces types de marqueurs résident dans leur stabilité biologique, leur important polymorphisme et leur répartition homogène sur le génome (**Hoshino et al. 2012**). En outre, **Cañon et al (2001)** soulignent qu'ils sont largement disponibles et supposés être neutres vis-à-vis du processus de sélection. L'importance du polymorphisme est dû au taux de mutation très élevé car en moyenne, on peut considérer que ce taux est d'environ 10^{-4} mutation par locus, par gamète et par génération (**Boichard et al., 1998**). Ces mutations peuvent être générées par deux mécanismes, les recombinaisons inégales et le glissement intra-chromatidien (slippage).

L'utilisation des microsatellites dans des études de génétique des populations est très récente. Les microsatellites ont été en premier lieu utilisés dans l'étude des populations humaines puis dans les races domestiques pour évaluer la variabilité génétique intra-race et inter-races (**Ollivier et al., 2000**).

Les potentialités des microsatellites, en tant que marqueurs pour mesurer la diversité génétique des populations semblent considérables (**Bruford et Wayne, 1993**). Ces marqueurs, aussi, sont très efficaces et largement utilisés pour l'étude des relations phylogénétiques entre les populations. **Pitel et Riquet (2000)** ont signalé que ces marqueurs interviennent dans la plupart des domaines de la génétique moléculaire animale, les plus utilisés dans les études de caractérisation génétique des animaux d'élevage (**FAO, 2011**) et à la recherche des QTL. Ainsi, **Baumung et al (2004)** estiment que 90% de ces études utilisent ces marqueurs.

Actuellement, chez la plupart des espèces d'animaux domestiques, une liste de références de locus microsatellites a été publiée par la FAO (**FAO, 2011**), afin de permettre la comparaison entre des analyses obtenues pour différentes espèces animales et par plusieurs équipes de recherche dans le monde.

Par ailleurs, l'une des applications les plus développées, à l'heure actuelle, des microsatellites, chez les animaux d'élevage, est la détection des principaux gènes ou groupes de gènes impliqués dans le déterminisme des caractères d'intérêt économique QTL (Quantitative Trait Loci) tels que la production de viande, la production de lait, la résistance aux maladies, la croissance, etc. (**FAO, 2011**). En effet, l'identification de telles régions permettrait de mettre en place une sélection assistée par marqueurs moléculaires en vue d'augmenter l'efficacité de la sélection animale (**Montaldo et Meza-Herrera, 1998**).

Actuellement, le motif microsatellite le plus étudié chez les animaux domestiques est le dinucléotide CA/GT. Chez les animaux domestiques, on en compte un tous les : 65 Kb chez le mouton, 75 Kb chez la chèvre, 120-180 Kb chez les bovin (**Godard *et al.*, 1997**). Ces régions peuvent être amplifiées par PCR et les variations de longueur des fragments amplifiés peuvent être mises en évidence par des techniques d'électrophores. De cette façon, les microsatellites fournissent des marqueurs codominants et pouvant présenter un très grand nombre d'allèles. Le taux moyen de mutation pour un microsatellite de mammifère a été évalué à plus d'une mutation par locus et pour 1000 générations (**Weber et Wong, 1993**). Depuis quelques années, un très grand nombre de loci microsatellites est disponible dans les banques de séquences d'ADN, plusieurs milliers de ces marqueurs ont été publiés chez les races domestiques.

En effet, les microsatellites ont une taille relativement petite et, par conséquent, sont facilement amplifiés en utilisant la technique PCR (pour "Polymerase Chain Reaction" : réaction de polymérisation en chaîne) à partir d'ADN extrait de différentes sources telles que le sang, les poils, la peau, etc. La procédure est relativement simple et rapide, suivie d'une migration des fragments amplifiés sur un gel d'acrylamide ou sur un gel de séquençage. La disponibilité de séquenceurs automatiques d'ADN permet une analyse à haut débit d'un grand nombre d'échantillons (**Bautista Salas, 2009**).

5.8. Marqueurs du Polymorphisme de simple nucléotide (SNP)

Les polymorphismes de nucléotide simple, mieux connus sous leur acronyme anglais SNP (pour « Single Nucleotide Polymorphism » et prononcé « snip » constituent une autre catégorie de marqueurs polymorphes qui sont régulièrement utilisée pour les études de la diversité génétique. Ils correspondent à changements d'une seule base (A, G, T, C) au niveau de la séquence d'ADN en un locus donné (**Figure 18**). Ces variations sont identifiées lors des programmes de séquençage à grande échelle de génome ou de séquences exprimées EST « Expressed Sequence Tag » (**Lee *et al.*, 2006**).

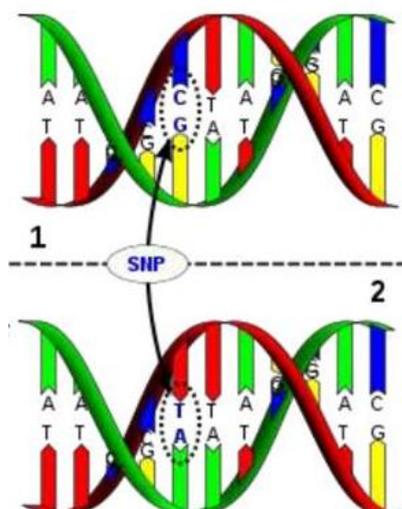


Figure 18. La variation SNP se produit quand un seul nucléotide est remplacé par un autre nucléotide. La molécule d'ADN 1 diffère de la 2 par un seul nucléotide C/T

Les gros avantages de ce type de marqueur résident dans (**Eggen, 2003**) :

- l'abondance de ce type de polymorphisme au niveau du génome (au moins un tous les mille nucléotides) ;
- la facilité d'analyse, de lecture et donc d'interprétation lors du génotypage ;
- la capacité d'automatisation.

Les SNP peuvent être étudiés par plusieurs techniques reposant sur différents principes (**Vignal et al., 2002**). L'une des plus prometteuses est basée sur l'utilisation de puces à ADN qui présentent un immense potentiel en matière de recherche de mutations génétiques et qui permettent d'analyser simultanément plusieurs milliers d'informations génétiques différentes (**Maudet, 2001**). Cependant, le génotypage à haut débit nécessite également des outils spécifiques permettant l'analyse simultanée de milliers ou dizaines de milliers de SNP (**Pitel et Riquet, 2000 ; Vignal et al., 2002**). Selon une étude réalisée par **Baumung et al** en **2004**, 12% des études sont basées sur l'analyse du polymorphisme de ces marqueurs.

Les SNP sont des variations d'un nucléotide qui ne changent pas la longueur globale de la séquence d'ADN dans la région. Ils se produisent partout dans le génome avec une fréquence élevée. Après les projets de séquençage du génome ou de séquences exprimées EST « Expressed Sequence Tag », des millions de SNP ont été produits dans plusieurs espèces, y compris le poulet avec la détection de 2,8 millions de SNP (**Wong et al., 2004**), ensuite, 7 millions de SNP, dans

une publication plus récente (**Rubin *et al.*, 2010**). La plupart des SNP sont localisés dans les régions non codantes et n'ont aucun impact direct sur le phénotype d'un individu.

En tant que marqueurs bialléliques, les SNP génèrent des quantités d'informations relativement faibles, pour atteindre le niveau d'information d'un panel standard de 30 loci de microsatellites, il faut utiliser un nombre élevé de ces marqueurs (**FAO, 2007b**). Cependant, les techniques moléculaires, toujours en évolution, accroissent l'automatisation et réduisent le coût du typage des SNP, ce qui permet l'analyse parallèle d'un grand nombre de marqueurs à un coût réduit (**FAO, 2007b**).

Ils sont probablement les marqueurs les plus intéressants à appliquer à l'avenir dans les études sur la diversité génétique et l'établissement de programmes de sélection.

En revanche, ces dernières années ont été marquées par l'émergence de technologies de séquençage totalement différentes, qui ouvrent de réelles perspectives en matière de génotypage pour les applications où un marquage ultra-dense du génome est utile, appelées « Next-Generation Sequencing » (NGS) ou séquençage de nouvelle génération (**Falque, 2011**). Le NGS repose sur une approche de séquençage en parallèle de millions de courts fragments dont la taille varie de 200 à 400 paires de bases (**Guéguen *et al.*, 2015**).

DEUXIEME PARTIE :

*ANALYSE
SOCIOECONOMIQUE DES
EXPLOITATIONS D'ÉLEVAGE
DU MOUTON TAZEGZAWT*

DEUXIEME PARTIE : ANALYSE SOCIOECONOMIQUE DES EXPLOITATIONS D'ELEVAGE DU MOUTON TAZEGZAWT

CHAPITRE I : CADRE GENERAL DE L'ETUDE

1. Présentation de la zone d'étude

1.1. Situation géographique

La Wilaya de Bejaïa est située au nord-est de l'Algérie et fait partie de la région économique du centre est du pays.

Limites de la Wilaya : La Wilaya de Bejaia qui occupe une superficie de 3 223,5 km² est limitée par (Figure 19) :

La mer Méditerranée au Nord sur une longueur de 95 Km.

La Wilaya de Jijel à l'Est

Les Wilaya de Tizi Ouzou et Bouira à l'Ouest.

Les Wilaya de Bordj Bou Arreridj et Sétif au Sud

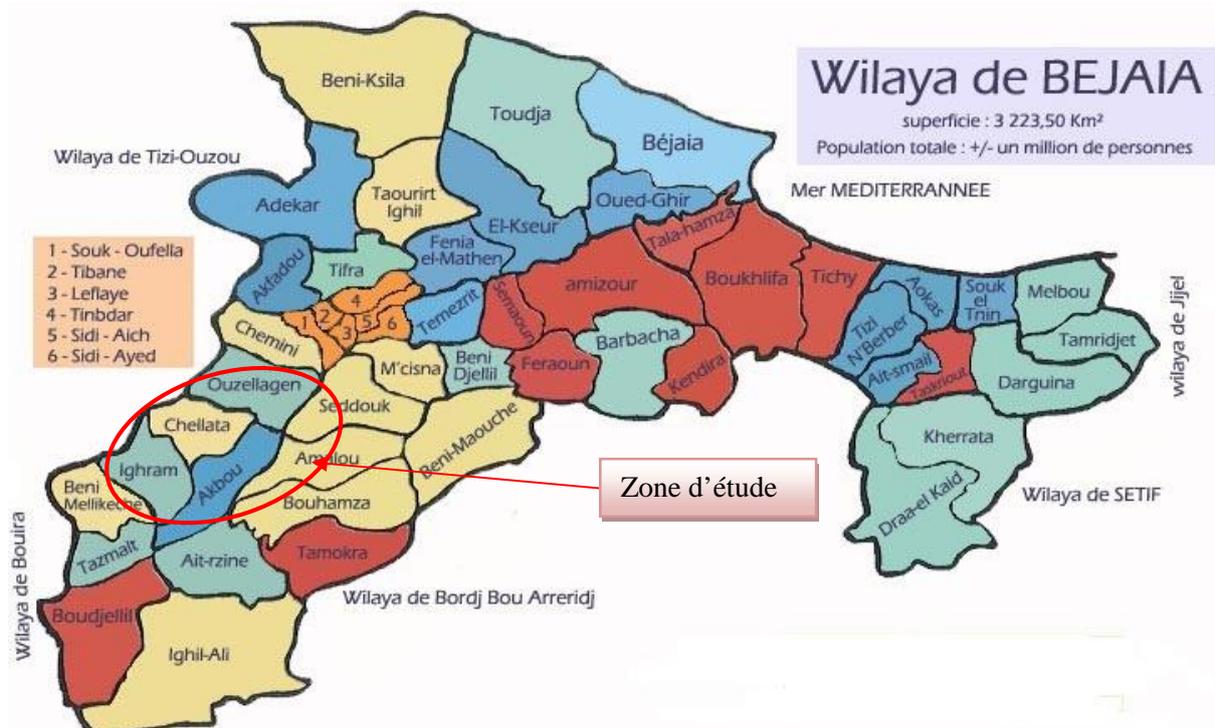


Figure 19. Carte administrative de la Wilaya de Bejaïa et les limites de la zone d'étude

1.2. Relief

Situé en plein atlas tellien, le territoire de la Wilaya de Bejaia se présente comme une masse montagneuse compacte et bosselée, traversée par le couloir formé par la vallée de la Soummam. On peut distinguer trois ensembles de reliefs:

L'ensemble de montagnes: occupe 75% soit 3/4 de la superficie totale de la Wilaya. Elle est constituée des chaînes des Bibans, Babors et Djurdjura.

L'ensemble de piémonts: d'une morphologie ondulée constitué d'une succession de collines, il apparaît moins accidenté que la zone de montagne. Il représente la zone intermédiaire entre la plaine et la montagne.

L'ensemble de plaine: composé des plaines de la vallée de la Soummam qui apparaît comme une bande sinueuse de 80 Kms de long sur une largeur maximale de 04 Kms et la plaine côtière qui sépare la mer et la chaîne des babors, elle se présente comme une bande étroite qui s'étend de l'embouchure de Oued Soummam à celui de Oued Agrioun soit une trentaine de Kilomètres.

1.3. Climat

Appartenant au domaine méditerranéen, le climat de la wilaya de Bejaia varie d'une zone à une autre.

La zone littorale et la vallée de la Soummam jouissent d'un climat pluvieux et doux en hivers, sec et chaud en été favorable au développement du tourisme balnéaire.

Le climat des zones de montagnes est caractérisé par un été sec et chaud et un hiver pluvieux et froid, la température atteint parfois 0° c et moins ce qui s'accompagne par la chute de neige, un élément propice au développement du tourisme climatique et les sports d'hiver. La pluviométrie est de l'ordre de 1 200 mm/an. Elle est parmi les régions les plus arrosées d'Algérie.

1.4. Agriculture et élevage

La superficie agricole totale (SAT) : 164 794 ha soit 51,12 % de la superficie totale de la Wilaya.

Superficie agricole utile (SAU): 130 348 ha soit 79,1 % de la SAT ; dont 8 140 Ha irrigués soit 6,24 % de la SAU qui est répartie comme suit :

- Cultures permanentes : 69 470 ha (dont 98,31 % en arbres fruitiers) ;

DEUXIEME PARTIE : ANALYSE SOCIOECONOMIQUE DES EXPLOITATIONS D'ELEVAGE DU MOUTON TAZEGZAWT

- Terres labourables : 60 878 ha ;
- Pacages et parcours : 30 859 ha ;
- Matériels agricoles : 1 944 tracteurs, 41 Moissonneuses-batteuses, 2 305 Motopompes et pompes et 3 606 matériels aratoires.

Disposant d'une surface agricole utile de 130 348 ha dont 6,24% sont irriguées, la Wilaya recèle d'importantes potentialités foncières de haute valeur agricole, particulièrement les terres situées dans la vallée de la Soummam et les plaines côtières qui pénètrent parfois jusqu'à 04 Km en direction des piémonts dans certains endroits.

La fertilité de ces sols confère au secteur de l'agriculture des aptitudes à une exploitation intensive (irrigation, mécanisation) dans le domaine du maraîchage, des agrumes, des fourrages et dans les élevages bovins laitiers et avicoles.

Ci-dessous les principales productions (statistiques 2012) :

Céréales : 118 354 Qx	Légumes Secs : 8 637 Qx ;
Cultures maraîchères: 836 529 Qx	Fourrages : 430 560 Qx ;
Agrumes : 201 380 Qx	Oliviers: 534 465 Qx ;
Figuiers : 293 693 Qx	Vigne de table : 27 770 Qx ;
Cultures industrielles : 14 935 Qx	

Les zones de piémonts et de montagne, qui constituent l'essentiel du territoire de la Wilaya concentrent presque toutes les activités arboricoles. Les espèces dominantes sont l'olivier et le figuier, les cultures maraîchères sont aussi présentes mais pratiquées sur des espaces réduits avec le recours aux serres et orientées vers l'autoconsommation ainsi que vers le marché.

Le cheptel, quant à lui, n'est pas important comparé aux possibilités existantes et se limite à 36 785 têtes de bovins, 100 261 têtes d'ovins et 38 929 têtes de caprins, avec une prédominance de l'élevage familial.

A la fin de l'année 2012, la production des viandes blanches et rouges a connu une baisse de 1 235 Qx et de 2 361 Qx respectivement par rapport à l'an dernier.

CHAPITRE II : CARACTERISATION DES EXPLOITATIONS D'ELEVAGE

La caractérisation des exploitations s'est intéressée à la description des modes de conduite de l'élevage et de son fonctionnement, jusqu'à la commercialisation et au revenu de l'élevage. Un éclairage particulier a porté sur la place de la population ovine Tazegzawt en fonction de la diversité des systèmes rencontrés et des objectifs des éleveurs.

1. Démarche d'étude

La démarche adoptée comporte 4 étapes :

- La première étape consiste à une étude bibliographique sur les informations existantes sur les élevages ovins dans la zone d'étude, les statistiques officielles disponibles, contacts des administrations agricoles locales et les personnes ressources.
- La deuxième étape est une pré-enquête qui n'a touché qu'un nombre limité d'éleveurs (3 au total) qui se veut comme première tentative d'appréhender les problèmes de terrain.
- La troisième étape, est consacrée à l'enquête proprement dite, durant laquelle notre échantillon est soumis à l'enquête pour la récolte des informations. Les enquêtes de terrain auprès des éleveurs sont utiles pour recenser les effectifs réels et d'obtenir aussi des informations sur la gestion de la race au sein de chaque exploitation d'élevage.
- La quatrième étape consiste en le dépouillement et l'analyse des données récoltées sur le terrain.

2. Collecte des données

Les données collectées ont pour origine des enquêtes structurées approfondies auprès des éleveurs comme source de base de recueil des informations à l'aide d'un questionnaire. Ce dernier comporte 7 rubriques (**Annexe 1**) :

- IDENTIFICATION ET LOCALISATION DE L'EXPLOITATION
- DONNEES GENERALES SUR LA FAMILLE, LE TROUPEAU, LES TERRES
- CONDUITE DE L'ELEVAGE OVIN

- PRODUCTIONS ET DESTINATION DES PRODUITS
- HYGIENE ET PROPHYLAXIE
- CONTRAINTES ET PERSPECTIVES DE L'ELEVAGE OVIN DE LA RACE TAZEGZAWT
- ACTIVITES EXTRA AGRICOLES

CHAPITRE III : RESULTATS DE L'ETUDE

Les résultats obtenus ont permis de présenter certaines caractéristiques des exploitations d'élevages de mouton Tazegzawt dans la région de Bejaïa.

1. Identification des éleveurs de mouton Tazegzawt

Le nombre des exploitations d'élevage constituant la population cible définissent l'unité de sondage de la présente enquête. Au total, Neuf (09) exploitations uniquement ont été repérés qui détiennent quelques têtes de la race Tazegzawt ont été soumis aux enquêtes (**Tableau 2**). La quasi-totalité sont situées au niveau de la wilaya de Bejaïa particulièrement la région d'Akbou, un seul élevage a été repéré dans la Wilaya de Tizi Ouzou au niveau de la zone d'Ait Ziki.

Tableau 2. Exploitations d'éleveurs enquêtés

	Exploitations	Daïra	Commune	Village	Nombre de têtes d'ovin Tazegzawt
1	Djait Nacer	Akbou	Chellata	Felden	12
2	Ourtillene Cherif	Akbou	Akbou	Guendouza	12
3	Omari Ali bey	Amizour	Amizour	Debha	05
4	Akhnak Rabia	Seddouk	Akhnak	Melakou	18
5	Ighessanen Madjid	Akbou	Ighrem	Ighrem	7
6	Hamana Bechir	Akbou	Akbou	Iresan	18
7	Tansawt Mokrane	Akbou	Ighrem	Ighrem	06
8	Anki Moussa	Seddouk	Akhnak	Akhnak	18
9	Mohammedi Abdellah	Bouzeguène	Ait Ziki	Taourirt boar	18

2. Description générale des exploitations d'élevage enquêtées

D'une façon générale, bien que nous ayons localisé que 9 exploitations d'élevage, les enquêtes effectuées ont répondu à nos objectifs de recherche. Les résultats d'enquêtes ont permis non seulement d'accumuler un certain nombre d'informations concrètes sur les caractéristiques des exploitations de la région d'étude mais aussi sur le mode de fonctionnement de leurs élevages.

Les exploitations enquêtées sont de taille variable, la SAU varie entre 03 et 10 ha avec une superficie moyenne de 5 ha sauf une seule exploitation qui possède 105 ha qui fait l'exception (celle d'Anki Moussa). La plupart des exploitations sont sous-équipées tant en infrastructure qu'en matériels, quant à la main-d'œuvre, elle est en général de type familial. Les spéculations végétales sont dominées par la céréaliculture (blé, orge, avoine), fourrages (sorgho, luzerne, maïs, pois fourrager, trèfle, etc.), verger d'olivier et de figuier. Le cheptel est essentiellement représenté par l'espèce ovine (95% de l'effectif total de l'échantillon enquêté), du caprin (3%) et du bovin (2%). Une seule exploitation uniquement pratique de l'aviculture commerciale avec 3 bâtiments d'élevage de poulet de chair d'une capacité de 2000 à 3000 poussins/bâtiment. La culture en sec est dominante avec des rendements aléatoires pour les céréales où la récolte est destinée à l'alimentation domestique et celle du cheptel. Les éleveurs enquêtés sont des naisseurs engraisseurs où la complémentation est systématique durant toute l'année, généralement avec de l'orge en grain et du son produit au niveau de l'exploitation.

3. Types d'élevages identifiés

Les différents systèmes de conduite de cette race sont classés à partir du mode de stabulation et du type de production, on distingue les élevages en bergerie ou en semi bergerie (stabulation permanente), la majorité des exploitations soit 8 sur 9 sont concernées par ce type de système (**Figures 20a et 20b**), durant la période hivernale, les animaux reçoivent deux types de rations : le concentré commerciale ou de l'orge avec du foin ou de la paille de blé. Par contre, durant les périodes printanière et estivale, ils bénéficient d'une alimentation naturelle à base de prairies naturelles (herbe du printemps), jachère ou pacage. Toutefois, nous avons enregistré un seul élevage d'herbe (en plein air) situé à Ait Zeki. Le troupeau ovin de ce dernier est élevé en race pure (la Tazegzawt uniquement), alimenté avec de l'herbe naturelle (le plus souvent des

feuilles de frêne), aucune complémentation n'est apportée à cette ration (**Figure 21**). Selon les déclarations des enquêtés, les animaux de cette race ne sont pas adaptés à la marche pour le pâturage.



Figure 20a. Elevage en bergerie



Figure 20b. Elevage en semi bergerie



Figure 21. Elevage en plein air à Ait Ziki (Bouzeguène – Tizi Ouzou)

Les exploitations agricoles enquêtées sont diversifiées, l'activité d'élevage est intégrée dans une logique de production agricole de montagne basée sur différentes spéculations. Elles présentent en général des ateliers d'élevage de petite taille excepté un éleveur à Seddouk qui possède plus de 1000 têtes d'ovin (race blanche prédominante) dont 18 têtes de race Tazegzawt.

Par ailleurs le système de production adopté par la majorité des exploitations consiste principalement en élevage-polyculture.

Selon les déclarations des enquêtés les agnelages ont lieu durant toute l'année, cela suppose que cette race présente une activité ovarienne durant toute l'année (continue) qui nécessite une confirmation par dosage hormonale. Néanmoins, les éleveurs préfèrent les agnelages d'automne à partir du mois de septembre. Les brebis multipares donnent des portées simples mais le plus souvent des multiples (doubles ou triples) mais les primipares donnent toujours des naissances simples; elles peuvent agneler deux fois par an si les conditions alimentaires le permettent.

L'âge de la puberté est de 9 mois aussi bien chez le mâle que la femelle. La première saillie du mâle est à 14 mois, par contre la mise à la reproduction des femelles est à 18 mois

coïncidant généralement avec les 2/3 du poids adulte. Avec une bonne alimentation et une bonne conduite la brebis pourrait avoir 16 agnelages durant sa vie génitale.

Les pratiques sanitaires observées dans les élevages sont le déparasitage et la vaccination des animaux contre certaines pathologies. Tous les éleveurs enquêtés vaccinent les animaux contre les maladies principales suivantes : entéro-toxémie, la clavelée, la fièvre aphteuse. Le déparasitage est systématique dans tous les troupeaux au moins deux fois par an. Les traitements déparasitants les plus utilisés par les éleveurs sont : l'Albendazol et l'Ivomec.

La vente des animaux sur pied constitue une pratique commerciale dans toutes exploitations enquêtées. L'élevage de Tazegzawt est considéré comme une activité de prestige vu les prix onéreux pratiqués. Les prix moyens observés chez cette race sont spécifiques, ils varient entre 80 000 et 140 000 DA respectivement pour les brebis et les béliers, à cause de la demande importante. En revanche, les achats sont effectués généralement dans l'objectif de la reconstitution du troupeau. Les catégories des jeunes et adultes femelles sont plus importantes que celles des jeunes et adultes mâles.

TROISIEME PARTIE :

*REPARTITION
GEOGRAPHIQUE ET
CARACTERISATION
PHENOTYPIQUE DE LA RACE
TAZEGZAWT*

**TROISIEME PARTIE : REPARTITION GEOGRAPHIQUE ET CARACTERISATION
PHENOTYPIQUE DE LA RACE TAZEGZAWT**

CHAPITRE I : MATERIEL ET METHODE

1. Zone d'étude et animaux

L'étude a été conduite dans la région de Bejaïa, située au Nord Est de l'Algérie, celle-ci s'étend entre - 36° 45' de latitude Nord et 5° 5' de longitude Est, sur une période de 3 années (de 2012 à 2014). Le choix de cette zone est fonction de la concentration des élevages de cette race. Au total 45 animaux adultes ont un âge moyen de $2,89 \pm 0,87$ an, dont 36 femelles et 9 mâles répartis sur 6 communes, ils ont fait l'objet de mesures et de description phénotypique. Les animaux ont été étudiés selon l'âge, la région et le sexe dont les classes d'âge ont été déterminées suivant la règle de Sturge (**Scherrer, 1984**) :

$NC = 1 + (3,3 \log n)$ où n est le nombre total d'animaux et NC le nombre de classe

Nous avons 6 classes avec un intervalle de 8 mois entre chaque classe.

Le **tableau 3** résume le nombre d'animaux de l'échantillon en fonction de la région et du sexe.

Tableau 3. Classes d'âge des animaux en fonction de la région et du sexe

Selon les classes d'âge des animaux (en mois)		Selon la région		Selon le sexe	
9 - 17	2	Akbou	6	Mâles	09
18 - 26	10	Chellata	3		
27 - 35	1	Akhnaq	10		
36 - 44	21	OuedGhir	21	Femelles	36
45 - 53	10	Ighrem	2		
54 - 62	1	Amizour	3		
Total	45	Total	45	Total	45

2. Répartition géographique

L'étude de la répartition géographique des races fait ici partie intégrante de la caractérisation phénotypique (**FAO, 2013**). Le géo-référencement des élevages a été réalisé sur terrain à l'aide d'un GPS (Global Positionning System) différentiel (Garmin, Legend CX) qui

offre une précision de 3 à 10 mètres (**Decuq et al., 1997**). La réception des signaux émis d'au moins 4 satellites permet la localisation dans l'espace en 3 dimensions (longitude, latitude et altitude) de chaque exploitation d'élevage enquêtée. Les coordonnées géographiques sont exprimées en degré, minute et seconde.

Le positionnement, des points acquis, sur une carte des élevages de la race « Tazegzawt » dans la zone d'étude a été fait par le biais d'un logiciel du Système d'Information Géographique (ArcGis 10.2 Développé par ESRI). Cette phase de bureau a permis d'obtenir une carte montrant la situation des élevages dans la région, sur un fond de carte communal Comgeo (**INCT, 2008**).

3. Caractérisation morphobiométrique

Les variables et les caractères utilisés pour caractériser phénotypiquement cette race ovine sont ceux recommandés par la **FAO (2013)**, mais inspirés également des travaux sur les races ovines algériennes (**Chellig, 1992 ; Benyoucef et al., 1995 ; Djaout et al., 2015a ; Djaout et al., 2015b**) et à travers le monde (**Desta, 2009 ; Esquivelzeta et al., 2011 ; Khaldi et al., 2011 ; Ravimurugan et al., 2012 ; Yakubu., 2013**). Le profilage morphologique a été établi à partir de certains caractères qualitatifs et quantitatifs. Les mesures biométriques ont été effectuées à l'aide d'un ruban mètre et d'une canne-toise graduée (**Figure 22**).



Figure 22. Canne toise graduée

3.1. Caractères qualitatifs ou ordinales

Au total, 9 caractères qualitatifs ont été étudiés pour comparer des groupes d'animaux de cette race ayant certaines caractéristiques phénotypiques en commun et d'autres différentes : La

longueur de l'encolure (longue ou moyenne), la longueur des membres (longs ou moyens), présence ou absence des pigmentations noires bleuâtres au niveau du paturon, présence ou absence des tâches bleues au niveau de la langue, présence ou absence des cornes chez le mâle, présence ou absence des pendeloques, le tassé (laine fermée ou semi-fermée), le profil du chanfrein (Busqué ou légèrement busqué) et la longueur de la queue.

Afin de constituer une bonne base de départ, nous avons associé certains éleveurs enthousiastes pour déterminer les spécificités phénotypiques d'appartenance de l'animal à la race Tazegzawt.

3.2. Poids vif et caractères quantitatifs ou mesurables

7 mensurations réalisées pour la caractérisation phénotypique de cette race (**Figure 23**) : La longueur diagonal du corps (LDC), la hauteur au garrot (HG), la hauteur au dos (HD), la hauteur à la croupe (HC), le périmètre thoracique (PT), le tour du canon (TC) et la longueur de l'oreille (LO).

En l'absence de moyens de pesée chez les éleveurs, les résultats du poids vif ont été obtenus chez 26 brebis et 8 béliers du troupeau expérimental de la station de recherche INRAA Oued Ghir (Bejaïa) à l'aide d'une bascule Marshall de portée $200\pm 0,5$ kg. Le troupeau est relativement homogène (**Figures 24a et 24b**).

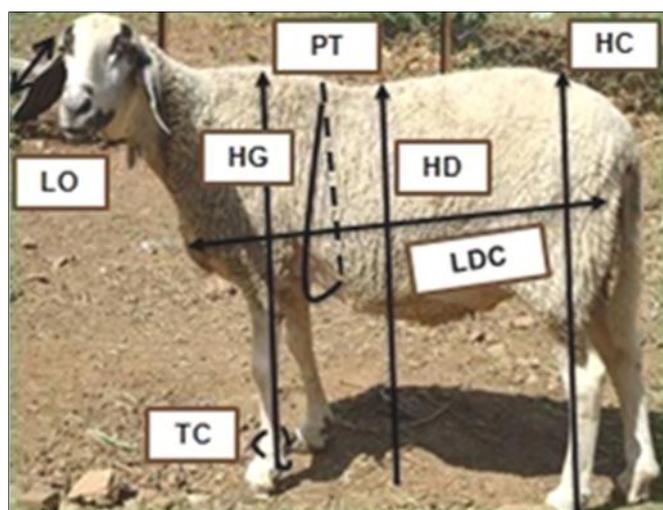


Figure 23. Position des mensurations corporelles effectuées



Figures 24a et 24b. Pesée des animaux adultes à l'aide de la bascule

4. Analyse statistique

Les données morphométriques ont été traitées en utilisant les statistiques descriptives à savoir les fréquences pour les variables qualitatives (type discontinu) et les valeurs pour les variables quantitatives (type continu).

Les différences observées au niveau des variables quantitatives ont été étudiées par le modèle linéaire suivant: $Y_{ijk} = \mu + \text{Région}_i + \text{Sexe}_j + \text{Age}_k + \epsilon_{ijk}$

Avec y_{ijk} = les mensurations corporelles étudiées (LDC, HG, HD, HC, PT, TC, LO), μ = moyenne générale de la population; Région_i = effet de la i ème région (Akbou, Chellata, Akhnaq, Oued Ghir, Ighrem, Amizour); Sexe_j = effet du j ème sexe (Mâle ou Femelle); Age_k = effet du k ème âge et ϵ_{ijk} = erreur résiduelle de moyenne = 0 et de variance constante. Une analyse de variance a été utilisée afin de déterminer la différence des paramètres étudiés chez les individus selon le sexe, l'âge et la région par le test de comparaison multiple "Newman-Keuls" à l'aide du logiciel d'analyse statistique SPSS (**Statistical Packages for Social Sciences, Version 19**).

Les variables quantitatives ont été traitées par l'analyse factorielle des correspondances principales (ACP), les variables qualitatives ont été traitées par l'analyse factorielle des correspondances multiples (AFCM) et la classification ascendante hiérarchique (CAH). Ces tests ont été utilisés grâce au logiciel SPSS afin de construire une typologie qui consiste à identifier des individus assez semblables entre eux pour présenter des caractéristiques communes

quantitatifs (HG, HC, HD, LDC, PT, LO, TC) et qualitatifs (longueur de l'encolure, longueur des membres, présence ou absence des pigmentations noires bleuâtres au niveau du paturon, présence ou absence des tâches au niveau de la langue, présence ou absence des cornes, présence ou absence des pendeloques, tassé, profil du chanfrein et longueur de la queue). Les moyennes et les écarts types du poids vif ont été calculés avec le logiciel Excel 7.0.

CHAPITRE II : RESULTATS ET DISCUSSION

1. Présentation et caractérisation de la race Tazegzawt

1.1. Origine et Historique de la race

Nous savons peu de choses sur l'histoire et l'origine de cette race. Toutefois, les déclarations des éleveurs et les personnes ressources ont révélées que sa première apparition remonte à l'époque d'avant 1925 à Ait Ziki dans la région de Bouzeguène (Tizi-Ouzou) mais ça se pourrait que l'origine remonte plus loin dans le temps, selon les mêmes déclarations. Elle est plus connue localement sous l'appellation « Tazegzawt », ce qui signifie en kabyle bleu en raison de la pigmentation au niveau de la tête de couleur noire bleuâtre brillant.

1.2. Répartition géographique et effectifs de la race

L'aire d'expansion de cette race concerne principalement deux wilayas Béjaïa et Tizi Ouzou, mais la grande concentration des effectifs est observée dans la zone d'Akbou (Wilaya de Bejaïa) et ses environs, d'ailleurs même certains agriculteurs l'appellent race d'Akbou (**Hambli et Tazarat, 2003**). En dehors de cette localité, elle n'est présente qu'à un faible pourcentage.

9 exploitations uniquement détiennent quelques têtes de ladite race. Une carte de répartition des élevages a pu être réalisée lors de cette étude, la zone délimitée en rouge est considérée comme le cœur du « berceau d'origine » de la race Tazegzawt (**figure 25**). Les éleveurs sont présents généralement sur des zones montagneuses et élevées, à proximité des agglomérations d'habitat.

C'est une race bien adaptée aux zones de montagnes, dans des pentes assez accentuées et fortes pouvant atteindre les 30%. L'étage bioclimatique de cette race se situe entre 250 et 1000 m d'altitude et comprise entre 36° 27 27 N et 36° 38 07 N de latitude, 4° 30 11 E et 4° 53 34

TROISIEME PARTIE : REPARTITION GEOGRAPHIQUE ET CARACTERISATION PHENOTYPIQUE DE LA RACE TAZEGZAWT

E de longitude. Selon les déclarations des enquêtés, les bonnes performances zootechniques des troupeaux sont enregistrées dans des zones à hautes altitudes (environ 800 m).

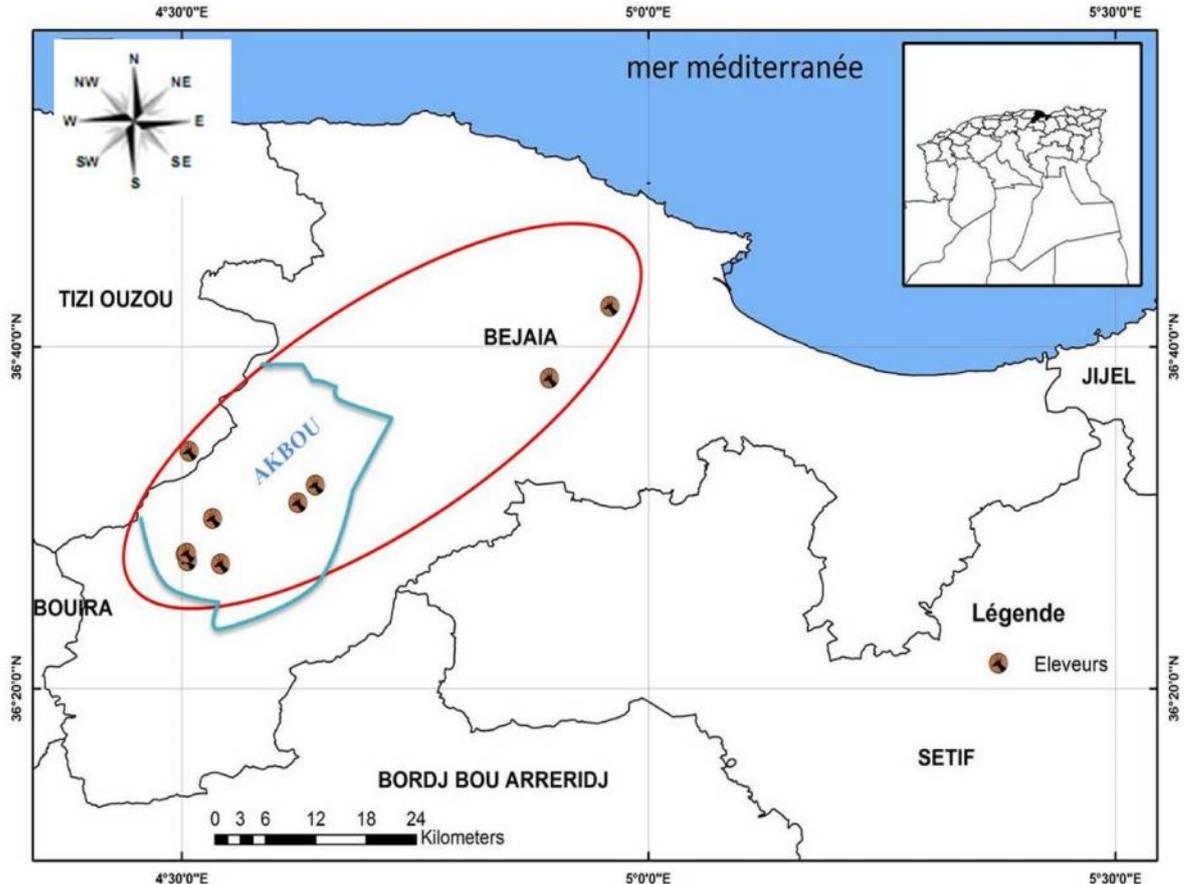


Figure 25. Localisation géographique des éleveurs de la race Tazegzawt

La race Tazegzawt est une race à petit effectif, ce qui résume l'essentiel des enjeux en matière de sa conservation. Son effectif a diminué à tel point que cette race pourrait officiellement être considérée parmi les races en danger d'extinction en Algérie, elle est quasiment inexistante dans les marchés à bestiaux. On dénombre actuellement à peine 300 têtes. L'étude a confirmé qu'il est devenu rare de voir ces moutons paître dans les montagnes de la Kabylie. Suite aux enquêtes réalisées, il nous semble que les croisements anarchiques sont à l'origine de cette situation.

La composition raciale de la majorité des élevages est hétérogène (la race Tazegzawt est élevée avec d'autres races, rarement seule).

1.3. Les caractères qualitatifs

Les individus de cette race sont unicolores, ils ont une peau blanchâtre avec des pigmentations noires avec reflets bleuâtres brillants autour des yeux, au niveau du museau et au niveau du lobe inférieur des oreilles. La tête est longue et allongée, les yeux sont grands et légèrement exorbités, les oreilles sont larges et tombantes, poitrine large et profonde bien marquée chez le mâle. La toison est blanche, elle couvre tout le corps de l'animal et compris la partie inférieure du cou et elle descend jusqu'aux jarrets. Les femelles de la race Tazegzawt sont toutes mottes (**Figures 26a, 26b et 26c**).

L'analyse des variables étudiées chez les animaux de cette race montre que les deux axes factoriels 1 et 2 expriment respectivement 30% et 19% de l'inertie totale (**Figure 27**). L'inertie dans notre étude représente le degré de distinction entre les individus.

L'axe 01 exprime 30,10% de l'inertie, représentée par les variables suivantes : longueur des membres (longs ou moyens), longueur de l'encolure (moyenne ou longue), toison tassée (fermée ou semi-fermée) et le chanfrein (busqué ou légèrement busqué). 50% de ce groupe ont des cornes longues, annelées et enroulées en spirale.

L'axe 02 exprime 19% de l'inertie, représentée par les variables suivantes : la présence ou l'absence des cornes et des pendeloques, longueur de la queue (longue ou moyenne), présence ou absence des pigmentations noires à reflets bleuâtres au niveau du paturon, présence ou absence des tâches bleues au niveau de la langue.



Figure 26a. Brebis Tazegzawt



Figure 26b. Bélier Tazegzawt



Figure 26c. Agneau et agnelle Tazegzawt

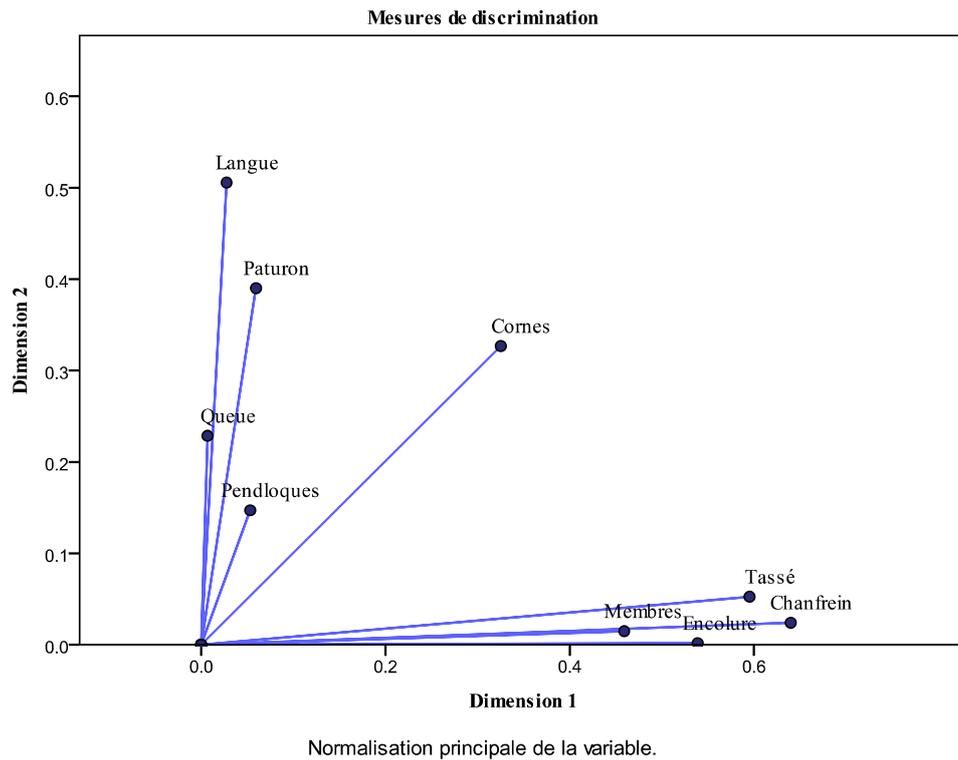


Figure 27. Présentation des variables par ACM

L'analyse a permis de déterminer deux groupes (**Figure 28**). Le groupe 01 constitue 20% de la population, les animaux de ce groupe caractérisés par une laine fermée, une encolure longue, des membres longs, la présence des pendloques ou parfois des bourgeons de pampilles, les extrémités de couleur noire (**Figure 29a**) et des pigmentations au niveau du paturon (**Figure 29b**). Ils ont une queue longue et des tâches bleues au niveau de la langue (**Figure 29c**).

Le groupe 02 constitue 80% de la population, les animaux de ce groupe caractérisés par une laine semi-fermée, une encolure de longueur moyenne, un chanfrein légèrement busqué. Ils ont des pendloques et de cornes, mais 83,3% de ce groupe ont une queue longue et 72,2% ont des pigmentations au niveau de la partie antérieure de la langue.

TROISIEME PARTIE : REPARTITION GEOGRAPHIQUE ET CARACTERISATION PHENOTYPIQUE DE LA RACE TAZEGZAWT

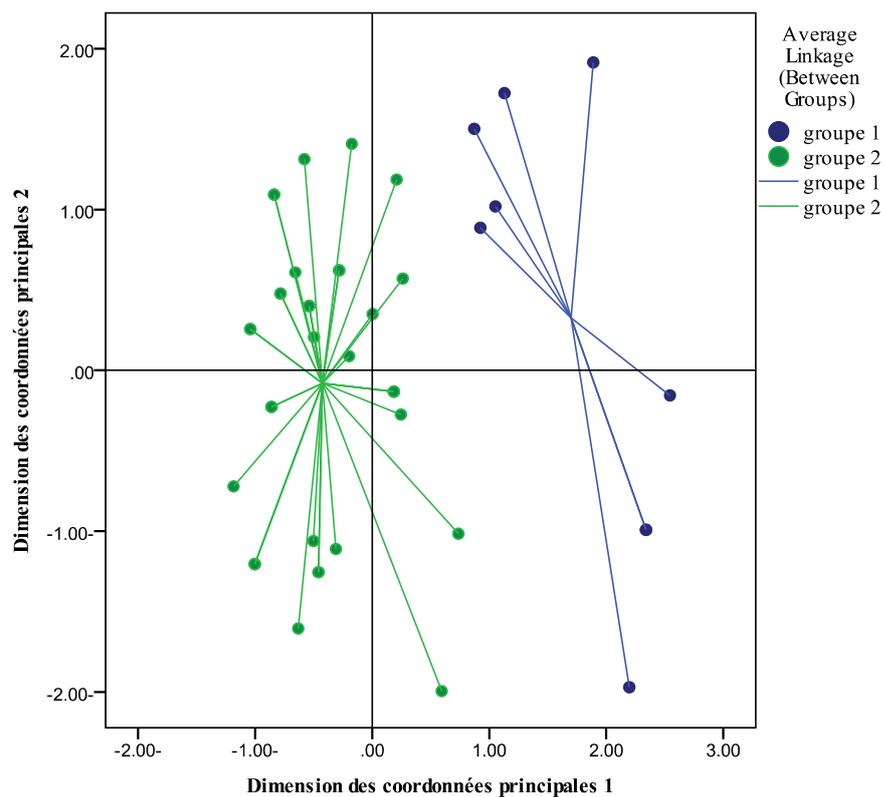


Figure 28. Représentation graphique des groupes identifiés par AFCM



Figure 29a. Pendeloques



Figure 29b. Pigmentations noires au niveau du paturon

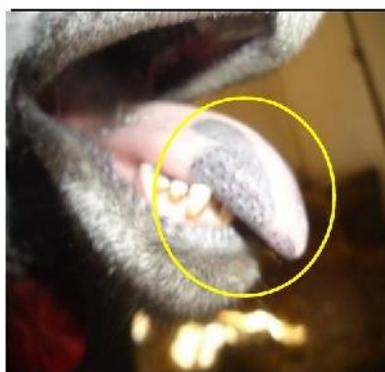


Figure 29c. Tâches bleues au niveau de la langue

Les particularités phénotypiques qui caractérisent la Tazegzawt sont : la présence de pigmentations noires avec reflets bleuâtres autour des yeux, au niveau du museau et au niveau du lobe inférieur des oreilles, l'encolure de longueur moyenne ; les membres sont nus, de longueur moyenne avec de bons aplombs; la toison est semi-fermée, la queue est fine, longue et s'arrête au jarret (environ 30 cm de longueur). Le profil et le chanfrein sont busqués chez les mâles, légèrement busqués chez les femelles. Cette description est comparable à celle réalisée par **Hambli et Tazarat (2003)**. L'autre spécificité observée chez la majorité des sujets est la présence de tâches bleues au niveau de la partie antérieure de la langue (89%); **Hambli et Tazarat (2003)** ont observé ce caractère chez 90 % du troupeau.

Néanmoins, l'étude des caractères qualitatifs a permis de déterminer une variabilité morphologique concernant les pendeloques, les pigmentations noires au niveau du paturon et la présence des cornes chez les mâles. Bien que la présence de pendeloques dans la région du cou chez les ovins soit un critère esthétique, ce caractère n'apparaît que chez 64% du troupeau, alors que les tâches noires au niveau du paturon et parfois au niveau du genou et du jarret sont présentes chez seulement 19 % du troupeau. Ces caractères pourraient être récessifs et doivent être vérifiés sur un échantillon plus important pour mettre en évidence cette hypothèse. Cependant et paradoxalement, le caractère présence de pendeloques chez la race ovine laitière Sarde d'Italie semble être déterminé par un gène autosomal dominant à pénétrance totale ou subtotale (**Casu et al., 1970**). En revanche, nous constatons dans notre échantillon un rapprochement des proportions concernant les béliers cornus et non cornus (44% vs 56 %, respectivement).

1.4. Poids vif et mensurations corporelles

Les résultats montrent que les poids vifs moyens des ovins Tazegzawt à l'âge adultes ont été de $78,55 \pm 12,33$ kg et $54,60 \pm 3,91$ kg pour les mâles et les femelles, respectivement (**Tableau 4**). Toutefois, le poids des béliers peut dépasser les 100 kg dans certains cas.

Cette étude a aussi révélé que le poids vif moyen des individus adultes est nettement supérieur à celui estimé par **Moula et al (2013)** chez la même race en utilisant des équations baryométriques (46,71 kg et 40,72 kg pour le mâle et la femelle, respectivement) mais se rapproche relativement de celui d'autres races locales Ouled Djellal (83,1 kg chez le mâle et

TROISIEME PARTIE : REPARTITION GEOGRAPHIQUE ET CARACTERISATION
PHENOTYPIQUE DE LA RACE TAZEGZAWT

60kg chez les femelles ; **IANOR, 2007** et **Dekhili et Aggoun, 2013**), Rembi (80 kg chez les mâles et 60 kg chez les femelles ; **IANOR, 2013**), Hamra (71 kg chez les mâles et 40 kg chez les femelles (**Benyoucef et al., 1999 ; IANOR, 2007**), Sardi (70 - 90 kg chez le mâle et de 45 -55 kg chez la femelle ;**Chikhi et Boujenane, 2003**), Boujaâd (75 – 80 kg chez le mâle et 45 - 60 kg chez la femelles ; **El Fadili, 2008**), Barbarine (75 kg et 50 kg, chez le mâle et la femelle, respectivement ; **Bedhiac et al., 2008**), la race Mérinos de Rambouillet (70 à 90 kg et 45 à 60 kg chez les béliers et les brebis, respectivement ; **Anonyme, 2010**). Par contre, le poids moyen adulte chez la Tazegzawt est inférieur à celui de la race Française Lacaune (100 kg pour le bélier et 70 kg pour la brebis ; **Babo, 2000**).

Tableau 4. Poids vifs (kg) des animaux en fonction du sexe (Moyenne ± Ecart type)

Mâle (n =8)	Femelle (n= 26)
78,55 ± 12,33	54,60 ± 3,91

Le **tableau 5** présente les valeurs des mensurations (moyennes et écarts-types) des animaux qui ont un âge moyen de $2,89 \pm 0,87$ an.

Tableau 5. Mensurations corporelles des ovins Tazegzawt

Mensurations (cm)	Moyenne	Min	Max	Variance	Ecart type	Err.Std
HG	80,93	72,00	95,00	29,96	5,47	0,82
PT	96,09	65,00	116,00	112,76	10,62	1,58
LDC	87,83	73,00	114,00	68,75	8,29	1,24
HC	81,18	71,50	94,00	28,68	5,36	0,80
HD	78,92	69,00	91,00	27,95	5,29	0,79
TC	9,48	8,00	13,00	0,93	0,97	0,14
LO	19,29	16,00	23,00	2,76	1,66	0,25

HG: hauteur au garrot, **PT**: périmètre thoracique, **LDC**: longueur diagonal du corps, **HC** : hauteur à la croupe, **HD** : hauteur au dos, **TC** : tour du canon, **LO** : longueur de l'oreille, **Min** : minimum, **Max** : maximum, **Err. Std** : erreur standard

Le **tableau 6** donne l'ensemble des résultats issus des différentes mensurations corporelles effectuées sur les animaux selon l'âge, la région et le sexe.

TROISIEME PARTIE : REPARTITION GEOGRAPHIQUE ET CARACTERISATION
PHENOTYPIQUE DE LA RACE TAZEGZAWT

Tableau 6. Effets des facteurs âge, région et sexe sur les variables biométriques

		HG	PT	LDC	HC	HD	TC	LO
Selon l'âge	9-17	87 ^{ab} ±2,83	105 ^{ab} ±2,83	108 ^a ±8,49	87,5 ^{ab} ±3,54	85 ^{ab} ±5,66	10,5±0,71	18 ^b
	18-26	79,4 ^a ±4,78	93 ^b ±7,99	84,65 ^b ±7,24	78,65 ^c ±4,45	77,05 ^c ±4,75	9,15±0,34	19,6 ^b ±1,07
	27-35	94 ^a	67 ^c	90 ^b	93 ^a	89 ^a	9	17 ^b
	36-44	80,24 ^{bc} ±3,45	95,33 ^b ±10,43	86,14 ^b ±7,12	80,26 ^c ±4,30	78,4 ^{bc} ±4,22	9,38±0,74	19,24 ^b ±1,84
	45-53	80 ^{bc} ±6,51	100 ^{ab} ±8,04	89,4 ^b ±6,50	81,9 ^{bc} ±5,06	78,55 ^{bc} ±5,77	9,5±1,18	19,8 ^b ±1,69
	54-62	95 ^c	115 ^a	97 ^{ab}	94 ^a	90 ^a	13	17 ^a
	P	**	**	**	**	*	***	ns
Selon la région	Akbou	82±7,01	100,67±6,50	89,08±8,24	82,92 ^{abc} ±5,24	81,08±6,04	9,50±1,05	18,50 ^a ±1,22
	Chellata	84,33±5,51	106±6,93	89±9,54	88 ^a ±5,57	83,33±6,66	9,67±1,15	20 ^a ±2
	Akhnaq	82,20±7,02	92±16,04	93,7±9,13	81,40 ^{bc} ±7,11	78,40±6,52	9,40±1,43	17,90 ^a ±1,10
	OuedGhir	79,26±3,10	95,48±8,23	84,14±6,63	79,60 ^{bc} ±2,56	77,98±3,27	9,40±0,58	19,90 ^a ±1,58
	Ighrem	77,25±4,60	94±2,83	85±7,07	75,50 ^c ±5,66	72,75±5,30	9±0,00	20 ^a ±1,41
	Amizour	85,33±8,74	96,33±13,65	92,33±7,23	85 ^{ab} ±7,94	82,67±7,37	10,33±1,53	20 ^a ±2
	p	Ns	ns	ns	*	ns	ns	*
Selon le sexe	Femelle	79,39±4,31	94,58±10,23	86,38±6,83	79,75±4,10	77,40±4,14	9,21±0,63	19,42±1,66
	Mâle	87,11±5,46	102,11±10,56	93,67±11,22	86,89±6,19	85,00±5,17	10,56±1,33	18,78±1,64
	P	***	ns	*	***	***	***	ns

* significatif à 0,05 ; ** significatif à 0,01 ; *** significatif à 0,001 ; ns : non significatif.

Une analyse en composante principale a été utilisée afin de regrouper les individus homogènes qui portent les mêmes caractères étudiés (la longueur du corps, la hauteur au garrot, le périmètre thoracique, le tour du canon et la longueur de l'oreille).

L'analyse des paramètres étudiés montre que les deux axes présentent respectivement 55,76% et 14,75% de l'inertie totale. Le premier axe est représenté par les variables suivantes: HG, HD, HC, TC, PT et LDC, alors que le deuxième axe représenté par LO (**Figure 30**).

**TROISIEME PARTIE : REPARTITION GEOGRAPHIQUE ET CARACTERISATION
PHENOTYPIQUE DE LA RACE TAZEGZAWT**

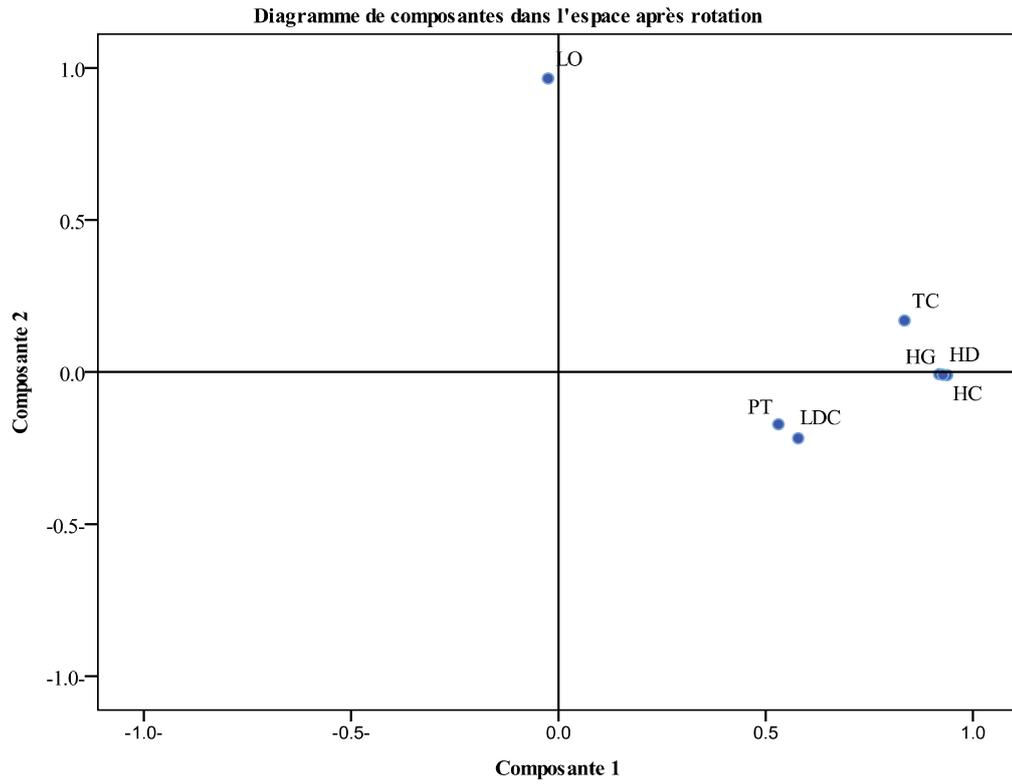


Figure 30. Présentation des variables par ACP

Cette analyse permet de sortir trois groupes (**Tableau 7**).

Tableau 7. Classification des animaux étudiés par ACP

Groupes	Effectif	HG	PT	LDC	HC	HD	TC	LO
Groupe 1	6	91 ± 4	110 ± 5	100 ± 7	91 ± 4	88 ± 4	11 ± 1	19 ± 2
Groupe 2	37	79 ± 3	95 ± 7	86 ± 7	79 ± 3	77 ± 3	9 ± 1	19 ± 2
Groupe 3	2	85 ± 13	66 ± 1	86 ± 6	85 ± 12	82 ± 11	9 ± 0	19 ± 2

TROISIEME PARTIE : REPARTITION GEOGRAPHIQUE ET CARACTERISATION PHENOTYPIQUE DE LA RACE TAZEGZAWT

Il ressort de ce tableau que le premier groupe est constitué par des animaux longilignes avec une longueur du corps de 100 ± 7 cm en moyenne, haut sur patte avec une hauteur au garrot de 91 ± 4 cm, ils ont un périmètre thoracique et un tour du canon plus importants que ceux des autres groupes.

Les animaux de deuxième et de troisième groupe ont une longueur de corps, une longueur des oreilles et un périmètre du canon similaires, mais les animaux du 3ème groupe sont plus hauts sur pattes avec un périmètre thoracique supérieur par rapport aux animaux de 2ème groupe. Les 3 groupes sont représentés dans la **Figure 31**.

L'examen des données recueillies sur l'ensemble des mesures linéaires effectuées indiquent que les moutons dit «Tazegzawt » ont un grand gabarit. La taille moyenne au garrot chez la brebis est de 79 ± 5 cm et 87 ± 6 cm chez le bélier. Cette taille dépasse celle des principales races ovines locales algériennes, notamment celle de la race Ouled Djellal, la plus répandue en Algérie et considérée comme haute sur patte (74 et 82 cm chez la brebis et le bélier, respectivement (**IANOR, 2007**)). Les valeurs de la longueur moyenne du corps (LDC) sont également en dessus de celles des races Ouled Djellal, Hamra et Rembi (67 cm, 70 cm et 76 cm chez la brebis et 84 cm, 71 cm et 81 cm chez le bélier, respectivement (**Chellig, 1992**)). Toutefois, la hauteur au garrot chez le bélier Tazegzawt est comparable à celle de la race principale Marocaine Sardi (80 - 90 cm; **Chikhi et Boujenane, 2003**).

Cette conformation du corps indique de bonnes aptitudes bouchères de cette race. La longueur moyenne des oreilles est relativement importante ($19,29\pm 1,66$ cm), elle peut atteindre une valeur maximale de 23 cm.

Toutefois, l'analyse de la répartition des mensurations corporelles en fonction des classes d'âge révèle des différences significatives exceptées pour la longueur des oreilles (LO) qui peut être expliqué par la croissance corporelle de l'animal en fonction de l'âge, il ressort de ces résultats que les mesures biométriques des individus étudiés varient avec le sexe. On observe des différences significatives entre le mâle et la femelle pour les caractères HG, HC, HD et TC. Le dimorphisme sexuel est présent, les mâles étant plus lourds et plus grands que les femelles. Par contre, les variables PT et LO n'ont pas un effet discriminant entre les deux sexes.

TROISIEME PARTIE : REPARTITION GEOGRAPHIQUE ET CARACTERISATION PHENOTYPIQUE DE LA RACE TAZEGZAWT

D'après les résultats de l'analyse de variance, nous constatons que le facteur «lieu» n'a pas eu un effet significatif hormis sur deux paramètres biométriques (HC et LO). Les variables quantitatives sont presque les mêmes au niveau des 6 communes étudiées, ce qui indique qu'il existe une homogénéité entre les troupeaux dans la région d'origine de la Tazegzawt.

A travers le **tableau 8**, il ressort que les femelles Tazegzawt sont les plus grandes femelles ovines des races algériennes.

Une analyse moléculaire semble indispensable pour une caractérisation rigoureuse de la diversité génétique intra espèce suite à l'apparition dans cette étude de groupes d'individus avec des caractères qualitatifs peu différents.

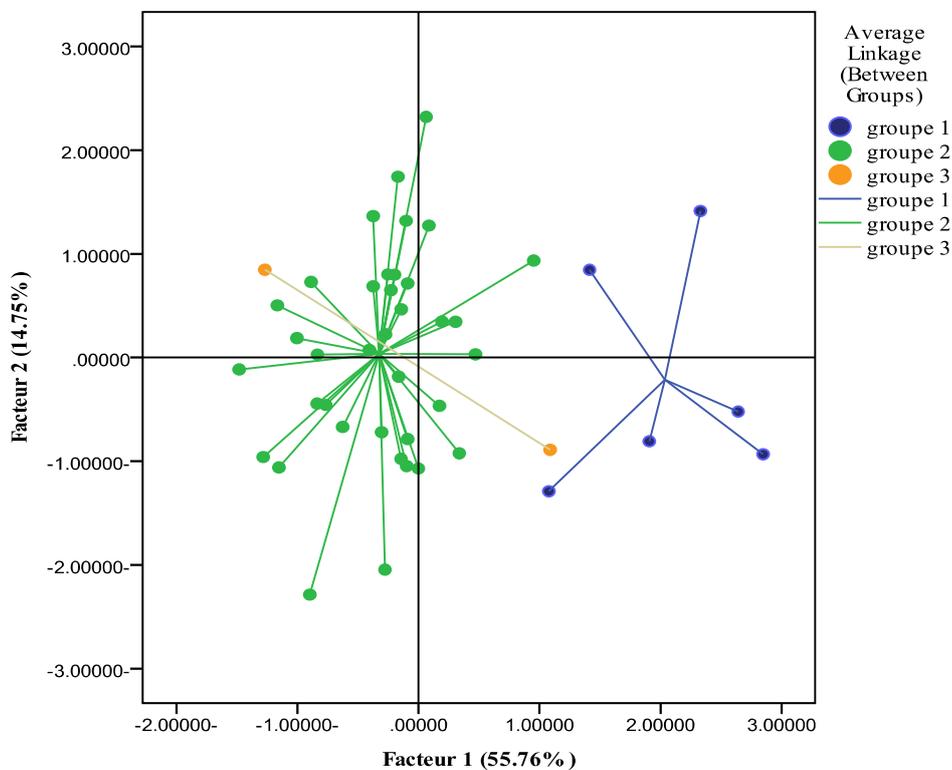


Figure 31. Représentation graphique des groupes identifiés par ACP

TROISIEME PARTIE : REPARTITION GEOGRAPHIQUE ET CARACTERISATION PHENOTYPIQUE DE LA RACE TAZEGZAWT

Tableau 8. Principales caractéristiques habituelles des races ovines d'Algérie

Caractéristiques	Tazegzawt	Barbarine	D'Men	Hamra	Ouled Djellal	Rembi	Sidaoun
Taille	La plus grande	petite	assez petite	moyenne	assez grande	grande	moyenne
Hauteur au garrot / fem.	79,4 ± 4,3 cm	50-65 cm	40-45cm	65-70 cm	65-70 cm	70-75 cm	60-65cm
Poids adulte / fem.	54,6 ± 3,9 kg	25-40 kg	40-45 kg	40 ± 2,6 kg	60,9 ± 4,3 kg	51,4 ± 9,8 kg	35-40 kg
Tête	convexe	convexe	convexe	convexe	convexe	convexe	convexe
Cornes	mâles seulement	Mâles grandes fem 0	0	fem 0 ou petites	fem 0 gént	Males grandes	Mâles grandes fem 0
Oreilles	longues, tombantes	moy tombantes	longues, tombantes	moy., tombantes	moy., tombantes	Fem 0 tombantes	Grandes suspendues
Pendeloques	présence	absence	présence	absence	absence	absence	absence
Queue	fine	adipeuse	fine, longue	fine, moy.	fine, moy.	fine	fine, longue
Laine	tassée	qualité inférieure	crinière (mâles)	tassée	courte	courte	poils
Couleur de la laine	blanche	blanche	variable	blanche	blanche	blanche	marron/noir
Couleur de la peau	taches noires à reflets bleuâtre brillant	blanche	Marron à noir	brune	blanche	brune	variable
Couleur de la langue	taches bleues	blanche		bleu-noirâtre	blanche	blanche	blanche
Conformation	bonne	bonne	petite	petite	bonne	bonne	
Lieux	nord-est	Sud-est	sud-ouest (Sahara)	ouest	centre et est	centre-ouest	sud
Altitude ou milieu	250 et 1000 m	400m	oasis	steppe	steppe	steppe	sahara
Aptitudes	laine + viande	viande + laine + lait	viande + laine	viande	laine + viande	laine + viande	viande
Rusticité	rustique	rustique	peu rustique	rustique	rustique	rustique	rustique
Type d'élevage	ext.	ext.	Sédentaire (oasis)	ext., nomade	Ext. transh	ext. ou transh.	ext
Effectifs	300 env., en danger	régression		55800 (2013), diminue	augmente	régression	

env. = environ ; *ext.* = extensif ; *f* = fem = femelle ; *gént* = généralement ; *horiz.* = horizontal(e) ; *m* = mâle ; *moy.* = moyenne ; *transh.* = transhumant

Source : Chellig, 1992 (pour les races Barbarine, D'Men, Hamra, Ouled Djellal, Rembi et Sidaoun)

CONCLUSIONS DE LA TROISIEME PARTIE

- La race Tazegzawt serait probablement un mouton typique de la montagne et de la vallée de la Soummam, parfaitement adaptée aux conditions naturelles de la région. Elle présente d'excellentes caractéristiques morphologiques et de rusticité remarquable qui la distinguent nettement d'autres races ovines algériennes.
- Cette race autochtone en danger d'extinction, mérite d'être classée comme prioritaire dans la liste des races à conserver en Algérie. Elle peut représenter, dans certains cas, un potentiel de développement économique important pour leur région d'origine (la Kabylie) et assurer ainsi une subsistance et un revenu aux communautés rurales. En outre, elle contribue à l'enrichissement de la diversité du patrimoine génétique ovin national.
- Cette étude préliminaire sur la caractérisation phénotypique se poursuivra par une caractérisation génétique moléculaire et une connaissance des aptitudes zootechniques afin de pouvoir élaborer une première base de données nationale qui aboutira, enfin, à mettre en place un standard de la race Tazegzawt.

QUATRIEME PARTIE :

*PREMIERS ESSAIS DE CARACTERISATION
GENETIQUE DE LA RACE TAZEGZAWT*

QUATRIEME PARTIE : PREMIERS ESSAIS DE CARACTERISATION GENETIQUE DE LA RACE TAZEGZAWT

CHAPITRE I : OBJECTIFS DE L'ETUDE

Les objectifs de cette étude se résument dans les deux points suivants :

- Fournir une compréhension initiale sur la diversité et la structure génétique de la race ovine locale Tazegzawt en analysant quelques individus échantillonnés. Nous avons entrepris cette étude génétique visant à compléter les résultats d'une étude préliminaire sur la caractérisation phénotypique.
- Constituer une biothèque d'ADN de la race Tazegzawt afin d'entreprendre des études plus poussées en génétique moléculaire pour une meilleur gestion de sa variabilité génétique et ceux pour exploitation durable de ce potentiel biologique.

CHAPITRE II : MATERIEL ET METHODES

1. Choix des échantillons

Une analyse de la diversité génétique des animaux d'élevage à partir de marqueurs moléculaires nécessite évidemment un échantillonnage de la population étudiée. Tout d'abord, il est bien connu que la précision des résultats dépend de la taille de l'échantillon. De plus, les résultats peuvent être biaisés si, par exemple, on échantillonne des individus de la même famille, donc génétiquement plus proches entre eux, les allèles que ce groupe d'individus portent alors risquent d'être surreprésentés (**Berber, 2015**).

Pour cela, les échantillons étudiés (33 animaux) ont été prélevés au niveau de 9 exploitations de la région de Bejaïa, de manière à avoir des animaux non apparenté et donc une représentation assez précise de la variabilité génétique.

2. Prélèvement du sang

Pour tous les animaux échantillonnés, 10 ml de sang a été prélevé par animal au niveau de la veine jugulaire dans des tubes contenant l'anticoagulant de l'acide éthylène-diamine-tétra-acétique (EDTA) (**Figure 32**). Les informations de chaque individu ont été reportées sur une

fiche de renseignement. Les échantillons sanguins ont été cryoconservés à -20°C pour l'extraction et l'analyse ultérieure de l'ADN.

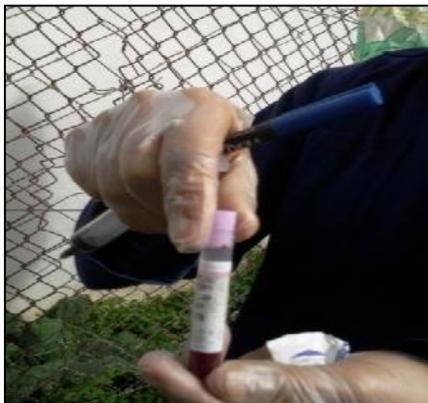


Figure 32. Prise d'échantillons de sang

3. Extraction de l'ADN génomique

L'extraction de l'ADN génomique à partir de ce sang entier et congelé a été réalisé par la technique de NaCl « Salting out » (Miller et al., 1988). Cette méthode nécessite au préalable l'élimination des globules rouges par une solution de lyse hypotonique, suivie d'un choc thermique dans la glace. Dans un second temps, l'ADN des lymphocytes est également libéré. Cet ADN est ensuite traité par la protéase K qui le débarrasse de toutes les protéines auxquelles il est lié. Il est alors précipité par l'ajout de l'éthanol froid, sous forme de filaments qui se compactent rapidement en une masse blanchâtre appelée *méduse*. Enfin, l'ADN pur sera dissout dans le tampon TE 10/1 (Tris/HCl: 10mM; EDTA:1mM; pH=8.0). Les ADN extraits sont dans un premier temps rangés dans des boîtes et conservées au congélateur à -20°C pour être ensuite analysés par des outils de la biologie moléculaire (détails dans l'**annexe 3**). Ces ADN constituent la première biothèque d'ADN ovine de la race Tazegzawt en Algérie au niveau du laboratoire de recherche de Physiopathologie, biochimie et nutrition (PpBioNut) à l'Université de Tlemcen.

4. Estimation de la concentration de l'ADN

La concentration d'ADN est déterminée par la méthode de spectrophotométrie basée sur la capacité de l'ADN à absorber des rayonnements UV à l'aide d'un spectrophotomètre Nanodrop Lite (*Thermo Scientific NanoDropTM8000*) (**Figure 33**), et calculée par le logiciel Megellan intégré dans l'appareil de Nanodrop, permettant ainsi des mesures rapides, précises et reproductibles de la concentration et le degré de pureté de l'ADN. Avoir un ADN pur signifie

que le rapport des densités optiques ($R=DO \text{ à } 260 \text{ nm} / DO \text{ à } 280 \text{ nm}$) doit être compris entre 1,5 et 2. Un rapport inférieur à 1,5 témoigne d'une contamination par les protéines. En revanche, s'il est supérieur à 2, cela veut dire que l'échantillon est contaminé par les sels.



Figure 33. Spectrophotomètre *Thermo Scientific NanoDropTM8000*

5. Génotypage de la race Tazegzawt à l'aide des puces ADN

L'objectif est de caractériser au niveau moléculaire la population Tazegzawt afin d'étudier sa diversité et sa structure génétique. Un échantillon de 6 (six) spécimens de la race Tazegzawt non apparentés ont été génotypés.

5.1. Choix du marqueur moléculaire utilisé

Les marqueurs moléculaires utilisés dans cette étude sont les polymorphismes d'un seul nucléotide (*SNP*), connus pour être des marqueurs bialléliques, co-dominants et affectent une seule paire de base. Ce type de marqueurs est l'outil le plus approprié pour différencier entre les races ovines locales et mettre en évidence, par conséquent, la diversité et la structure génétique des populations.

La race Tazegzawt a été génotypée à l'aide de la puce à ADN Illumina BeadChipOvine SNP50k (Illumina, Inc.) qui contient 54241 marqueurs SNP répartis d'une manière uniforme sur l'ensemble du génome, en suivant les procédures d'exploitation normalisées recommandées par le fabricant. Le génotypage a été effectué par le «McGill University and Genome Québec innovation center – Canada ».

Cette puce est une lame de verre ou de silicium sur laquelle ont été apposés de petits fragments d'ADN caractéristiques de l'espèce ovine (**Figure 34**). L'ADN testé s'hybride avec le fragment complémentaire présent sur la puce et émis des éléments fluorescents. Ces éléments fluorescents permettent à l'ADN hybridé d'émettre un spot ; en fonction de la couleur du spot et de son intensité il est possible de déterminer l'allèle présent sur ce SNP et son génotype.

Les paramètres de filtrage des SNP suivants ont été adoptés pour générer des fichiers d'entrée (input) : (i) taux d'animaux génotypés par SNP 97%, (ii) fréquence de l'allèle mineur par SNP (Minor Allele Frequency en anglais ou MAF) 1%, (iii) les animaux présentant 10% du génotype manquant.



Figure 34. Puce Illumina BeadChipOvine SNP50

5.2. Analyses statistiques des données SNP

Les contrôles de qualité des SNP ont été effectués en utilisant le logiciel PLINK (v1.07) software (**Purcell et al., 2007**) notamment, pour des génotypes manquants, déséquilibre de liaison (Hardy-Weinberg Equilibrium ou HWE) et fréquences alléliques.

5.3. Analyse moléculaire de la Diversité intra-population

Pour décrire la diversité génétique de cette race, nous avons utilisé dans la présente étude quatre paramètres : le taux de polymorphisme (P), la richesse allélique (R), le taux moyen d'hétérozygotie attendu (H_e), et l'indice de fixation (F_{IS}).

5.3.1. Taux de polymorphisme (P)

C'est le pourcentage des loci polymorphes dans l'échantillon étudié. Autrement dit, c'est la probabilité d'observer au moins deux allèles au même locus, cette probabilité dépend des fréquences respectives des allèles et aussi de la taille de l'échantillon (**Fouley et Ollivier, 2006**).

$$P = \frac{\text{Nombre de loci polymorphe}}{\text{Nombre total de loci étudiés}}$$

Dans le présent travail, un locus est considéré polymorphe dans le cas où l'allèle le plus fréquent a une fréquence inférieure ou égale à 0,99.

5.3.2. Richesse allélique (R)

Elle représente le nombre total d'allèles pour un locus donné, appelé également taux d'allélisme ou richesse allélique d'une population (R), est connue pour dépendre de la taille de l'échantillon, puisque les chances de découvrir un nouvel allèle augmentent chaque fois qu'un nouvel individu est observé (**Fouley et Ollivier, 2006**). La richesse allélique est une information complémentaire intéressante à prendre en compte dans l'étude de la variabilité génétique (**Ollivieret *al.*, 2000**). Elle constitue un indicateur de diversité d'un grand intérêt en sélection (**Ollivier et Fouley, 2013**).

5.3.3. Taux d'hétérozygotie (H)

Pour chaque marqueur, on étudie le taux d'hétérozygotie (H) dans la population. Ce taux (appelé aussi indice de diversité), est la probabilité que deux gènes pris au hasard représentent des allèles différents (**Nei, 1987**).

Pour ce critère étudié à chaque marqueur, on distingue le taux d'hétérozygotie observée (H_o), et le taux d'hétérozygotie attendue ou théorique (H_e).

Le taux d'hétérozygotie observé peut être calculé directement à partir de la matrice de donnée. C'est le rapport entre le nombre d'animaux hétérozygotes et le nombre total d'animaux typés pour le locus considéré.

Dans notre étude nous avons calculé que le taux d'hétérozygotie attendu (H_e) car la taille de l'échantillon est faible.

Un taux d'hétérozygotie attendu (H_e) peut être calculé, sous l'hypothèse de l'équilibre de Hardy Weinberg, à partir des fréquences alléliques déterminées pour chaque locus à l'aide de la formule suivante :

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^{1k} P_{ikx}^2$$

Où P_{ikx} est la fréquence de l'allèle i au locus k dans la population x .

5.3.4. Indice de fixation (F_{IS})

Le paramètre F_{IS} de Wright, dénommé aussi indice de fixation et appelé auparavant coefficient de consanguinité, mesure la réduction éventuelle de l'hétérozygotie des individus à l'intérieur des populations, c'est un indice proposé par **Wright en 1943** (cité par **Nei, 1977**). ($F_{IS} = 1$ signifie fixation complète (cas d'autofécondation), $F_{IS} < 1$: excès d'hétérozygotie, $F_{IS} > 1$: déficit d'hétérozygotie, $F_{IS} = 0$: population en équilibre de Hardy-Weinberg).

Ce paramètre nous indique, donc, pour un locus donné si la population est en excès ou en déficit d'hétérozygotie. S'il y a ni déficit ni excès d'hétérozygotie, les croisements au sein de la population sont probablement panmictique (les individus sont répartis de manière homogène au sein de cette population et se reproduisent aléatoirement). Le facteur clé de cette évolution est la taille efficace de la population, ou son effectif génétique (**Verrier et Rognon, 2000**).

Par ailleurs, une population est dite en équilibre d'Hardy Weinberg si, entre autre, les croisements au niveau de ladite population se font d'une manière panmictique.

5.3.5. Analyse des données

Le Taux d'hétérozygotie attendu (H_e) a été estimé en utilisant le logiciel PLINK (v1.07) software (**Purcell et al., 2007**), la richesse allélique (R) a été estimée grâce au logiciel ADZEv.

1.0 (Szpiech *et al.*, 2008) et l'indice de fixation (F_{IS}) a été estimé en utilisant le logiciel HIERFSTAT (Goudet, 2005).

5.4. Analyse de la diversité génétique inter-population

5.4.1. Distance génétique

Afin d'étudier les liens génétiques entre la race Tazegzawt et les sept autres races Algériennes, notamment, la Ouled Djellal, la Hamra, la Rembi, la Berbère, la Barbarine, la D'men et la Sidaoun, plusieurs approches ont permis une étude globale de la différenciation des populations étudiées.

5.4.1.1. Indice de pairs ou F de Wright (F_{ST})

L'indice de paires F_{ST} ou indice de différenciation a été calculé sur les données globales ainsi qu'entre les populations prises deux à deux. Des tests de permutation ont alors permis de tester la significativité de cet indice avec le logiciel Arlequin version 3.5 (Excoffier et Lischer, 2010).

Le F_{ST} (S pour sous-population et T pour population Totale) permet d'estimer le degré de différence génétique entre les groupes ou les populations préalablement identifiés. Ce paramètre est compris entre 0 et 1. Wright (1978) propose certains critères pour une interprétation qualitative des F_{ST} à savoir :

- ✓ L'intervalle de 0 à 0,05 indique une faible différenciation génétique qui est toutefois non négligeable.
- ✓ L'intervalle de 0,05 à 0,15 indique une différenciation génétique modérée.
- ✓ L'intervalle de 0,15 à 0,25 indique une grande différenciation génétique.

5.4.1.2. MDS (le positionnement multidimensionnel ou Multidimensional scaling)

Le MDS est une méthode d'analyse multi-variée descriptive, qui permet de représenter dans un espace métrique, une matrice ordinale indiquant les proximités entre les populations ovines locales. L'analyse MDS a été réalisée en utilisant le logiciel PLINK (version 1.07) software (Purcell *et al.*, 2007). La représentation graphique a été effectuée en utilisant le logiciel de statistique R version 3.0.1 (R Development Core Team 2013) avec le paquet R Color Brewer.

5.4.1.3. Méthode de clustering ou méthode bayésienne

L'objectif de cette méthode est de détecter si les individus sont structurés en populations, et si c'est le cas, d'identifier le nombre de groupes génétiquement distincts (clusters).

La structure génétique de la population Tazegzawt (en comparaison avec les races suscitée) a été étudiée par l'analyse bayésienne (à l'aide du logiciel STRUCTURE (version 2.3.4) (Pritchard *et al.*, 2000), en supposant un certain nombre de sous-populations (K) dans l'échantillon total variant de 2 à 8 (K = nombre de groupe "clusters"). Cette méthode a permis de regrouper des individus en populations sur la base de leur génotype. Chaque individu est représenté par une fine barre verticale partitionnée en K segments.

5.4.1.4. Arbre phylogénétique

Les méthodes existantes pour étudier la proximité génétique d'individus sont basées sur la construction d'arbres phylogénétiques (Jay, 2011).

Dans notre étude la matrice de distances génétique obtenue (Tableau10), est utilisée pour la construction de l'arbre phylogénétique par la méthode « Neighbor-Joining » (NJ) (Saitou et Nei, 1987) permettant de distinguer les relations génétiques entre les races ovines étudiées.

La phylogénie est représentée par l'arbre dont la vraisemblance calculée à partir des probabilités est maximale (*Maximum Likelihood- ML*). C'est une méthode dite de caractère(s), elle repose sur un ou plusieurs caractères à étudier. Ladite méthode a été complétée par la technique de ré-échantillonnage aléatoire dite du "Bootstrap" (Felsenstein, 1985) pour tester la robustesse des arbres obtenus.

On construit un arbre du maximum de vraisemblance avec des valeurs de « bootstrap » des différents branchements en effectuant les étapes suivantes :

- Filtrer l'ensemble de données de SNP en utilisant la fréquence allélique minimum (MAF). Le MAF est à 1% c'est-à-dire qu'on va éliminer tous les SNP qui ne sont pas polymorphes (qui présentent un seule allèle ou deux allèles mais le moins fréquent n'atteint pas la fréquence de 1% dans la population étudié).

Le filtre de 10% concerne la fonction « geno » du logiciel PLINK, dans ce cas les échantillons avec plus de 10% de données manquantes ont été éliminés de l'analyse.

- Enlever des SNP redondantes basées sur des informations de déséquilibre de liaison en utilisant SNP Relate (Zheng *et al.*, 2012) ;
- Construire l'alignement de séquences multiples de l'ensemble de données en utilisant SNP MUSCLE (Edgar, 2004) ;
- Déterminer l'arbre du maximum de vraisemblance dnaML (*maximum de vraisemblance*) en utilisant le logiciel SNPhylo (Lee *et al.*, 2014);
- Les valeurs de Bootstrap indiquées à chaque nœud révèlent le pourcentage d'apparition de ce dernier parmi 1000 ré-échantillonnages en utilisant Phangorn (Schliep, 2011). Le fichier d'arbre en format Newicka été traité avec le logiciel MEGA (version 6) (Tamura *et al.*, 2013).

CHAPITRE III : RESULTATS ET DISCUSSION

1. Qualité des ADN extraits

Les ADN extraits sont de bonne qualité avec des rapports DO260/DO280 comprise entre 1.5 et 2.

2. Résultats préliminaires d'analyse de la diversité génétique intra-population

2.1. Paramètres de la diversité génétique

Le **tableau 9** présente les résultats des différents paramètres obtenus pour décrire la diversité génétique de la race Tazegzawt en comparaison aux autres races. Après le contrôle principal des données de génotypage, deux animaux (un de race D'men et l'autre de race Barbarine) ont été éliminés de l'analyse ultérieure en raison d'avoir plus de 10 % de données manquantes, ce qui n'est pas dû à une mauvaise qualité de l'ADN mais plutôt à une identité génétique spécifique des races Nord Africaines.

2.1.1. Taux de polymorphisme des marqueurs SNP

Les résultats obtenus ont montré que les marqueurs SNP utilisés étaient polymorphes à 0,83. Ce niveau relativement élevé indique un taux satisfaisant de la diversité génétique pour cette race. Ce résultat est proche des valeurs moyennes estimées chez les races Hamra, D'men, Sidaoun et Barbarine, 0,87 ; 0,85 ; 0,87 et 0,87, respectivement. Par contre, il est relativement

inférieur au pourcentage de loci polymorphes trouvé chez les races Berbère, Ouled Djellal et Rembi (0,92).

Les valeurs estimées du polymorphisme chez la race Tazegzawt sont comparables avec celles du Mérinos Sud-Africains Grootfontein et Cradock (0,89); (**Sandenbergh et al., 2015**) et celles du Mérinos et Corriedale Uruguayens (0,89 et 0,86, respectivement) en utilisant la puce OvineSNP50 chip (**Andrés et al., 2014**). En comparant nos résultats avec ceux obtenus par des études effectuées à l'aide des microsatellites, ce taux est aussi comparable avec celui des moutons Balkans occidentaux Pramenka (0,73 - 0,83; **Cinkulov et al., 2008**), des races ovines Italiennes autochtones (0,70 - 0,80 ; **Dalvit et al., 2009**), des races ovines Egyptiennes (0,81 - 0,86; **El Nahas et al., 2008**), les moutons Indiens (0,83; **Nanekarani et al., 2010**), les races ovines Bulgares (0,73 - 0,80 ; **Kusza et al., 2010**) et les populations de mouton Kivircik (Ouest d'Anatolie) (0,84 ; **Yilmaz et al., 2016**).

En revanche, le taux du polymorphisme de la race Tazegzawt est plus élevé par rapport aux races Roumaines (0,67 - 0,79 ; **Kevorkian et al., 2010**), les races ovines Autrichiennes (0,67 - 0,78 ; **Baumung et al., 2006**), les moutons de Baltik (0,57 - 0,76 ; **Grigaliunaite et al., 2003**), les races ovines Irlandaises (0,59 - 0,65 ; **Mukesh et al., 2006**), les populations ovines Slovaques (0,46 - 0,61 ; **Kusza et al., 2009**), les races ovines Chinoises (0,48 - 0,76 ; **Guang-Xin et al., 2016**) et chez la race Brésilienne « Morada Nova » (0,59; **Ferreira et al., 2014**).

2.1.2. Richesse allélique (R)

Dans ce travail, le nombre moyen d'allèles par locus estimé chez la race Tazegzawt est de 1,60. Ce résultat est légèrement inférieur à celui obtenu chez les races Hamra ; D'men ; Berbère ; Ouled Djellal ; Rembi ; Sidaoun et Barbarine (1,63 ; 1,64 ; 1,68 ; 1,68 ; 1,63 ; 1,68 et 1,65, respectivement).

Ce paramètre est relativement faible, cela est probablement dû à la taille limitée de la population étudiée (environ 300 têtes dans la région), puisque la richesse allélique est connue être dépendante, entre autre, de la taille de la population (les chances de découvrir un nouvel allèle augmentent chaque fois qu'un nouvel individu est observé) (**Foulley et Ollivier, 2006**). Dans un travail récent, **Sandenbergh et al., (2015)** ont obtenu chez la race Sud-Africaine

« Namaqua Afrikaner », en danger d'extinction, un résultat légèrement élevé (1,75) par rapport à celui enregistré dans cette étude, en utilisant la même puce (OvineSNP50 chip).

Toutefois, **Gaouar et al (2015a)**, ont étudié le niveau de la diversité génétique de 6 races ovines locales avec 30 marqueurs microsatellites, où la richesse allélique moyenne a varié de 4,97 à 6,16. Il est à noter que cet état de fait a été cité juste pour information car l'état de grandeur de polymorphisme des microsatellites est nettement supérieur à celui des SNP.

Le nombre des marqueurs SNP avec fréquence de l'allèle mineur (MAF) 1% est de 13498 chez la race Tazegzawt qui représente une valeur légèrement supérieure par rapport au nombre de marqueurs SNP éliminés chez les races Hamra, Berbère, Ouled Djellal, Sidaoun et Rembi (11625 ; 8962 ; 9067 ; 11218 ; 9031, respectivement). En revanche, cette valeur est proche à celle de la D'men et de la Barbarine (4236 et 12013, respectivement). Le résultat obtenu est proche à celui rapporté par **Sandenbergh et al (2015)** chez la race Sud-Africaine en danger d'extinction « Namaqua Afrikaner »(11921) en utilisant l'OvineSNP50 chip et largement supérieur aux valeurs obtenus par **Karimi et al (2016)** chez trois races de moutons afghans (Arabi, Baloch et Gadac ; 2665, 2659 et 2758, respectivement) avec le même type de puce mais génotypés à 53 862 SNP.

2.1.3. Taux d'hétérozygotie

Concernant le taux de l'hétérozygotie attendu (H_e) estimé chez la race Tazegzawt, il est relativement faible ($0,33 \pm 0,16$) avec une légère différence en faveur des races Berbère, Ouled Djellal et Rembi (0,38) mais notablement comparables aux valeurs moyennes enregistrées chez les races Hamra, D'men et Sidaoun (0,35 ; 0,36 ; 0,35 ; respectivement). Les valeurs d'hétérozygotie attendue estimée chez la race Tazegzawt sont comparables avec celles rapportées par **Kijas et al., 2012** chez les races Européennes méridionales et occidentales et chez les principales races Italiennes rapportés par **Ciani et al., 2013**, en utilisant Illumina Ovine SNP50 BeadChip (Sarda, Leccese, Comisana ; 0,38 et Altamura, Bagnolese, Laticauda ; 0,37) et par **Andrés et al (2014)** chez Mérinos et Corriedale ; 0,36 et 0,35, respectivement). Toutefois, la valeur moyenne d'hétérozygotie chez la race Tazegzawt est plus faible par rapport à celle estimée chez les races Hamra (0,74), Ouled Djellal (0,82), Beni Ighil Marocaine (0,78), D'men Marocaine (0,77), la race Brésilienne « Morada Nova » (0,59 ; **Ferreira et al., 2014**), la race Espagnol lojeña (0,73 ; **Pablo et al., 2013**), les populations locales grecques (0,63 – 0,77 ; **Loukovitis et al., 2016**), la race Espagnol Canaria (0,72 ; **Martínez et al., 2007**), chez la

race « Pagliarola » de la région centrale d'Italie (0,70 ; **Ceccobelli et al., 2016**), chez la race autochtone d'Afrique du Sud en danger d'extinction « Namaqua Afrikaner » (0,46 – 0,55 ; **Qwabe et al., 2013**), chez la Lacaune Française (0,78) et Foro-Foro Sub saharienne dans une étude de la diversité génétique en utilisant six marqueurs microsatellites (**Gaouar et al., 2014**), chez six races ovines Algériennes (Ouled Djellal, Hamra, Rembi, Sidaoun, Tâadmit, et D'men, 0,72 ; **Gaouar et al., 2015a**), chez les moutons Tunisiens à queue fine et à queue grasse (0,78 ; **Ben Sassi-Zaidy et al., 2014**), chez les races importantes Albanaises, notamment, "Bardhoka", "Ruda", "Recka" et "Shkodrane (0,75 - 0,78 ; **Hoda et al., 2009**), une valeur similaire a été trouvée chez ces mêmes races (0,75 ; **Hoda et Ajmone Marsan, 2012**), chez la population ovine Roumaine « Tsigai » (0,77 ; **Zahan et al., 2011**), chez la race ovine Islandaise KRK PRAMENKA (0,73 ; **Salamon et al., 2012**), chez le mouton Istrien partagé entre la Croatie et la Slovénie (0,74 ; **Salamon et al., 2015**), chez les populations ovines Jordaniennes (0,73 ; **Al-Atiyat et al., 2014**), chez 13 races ovines Colombiennes (0,67 - 0,86 ; **Ocampo et al., 2016**), chez les races Suisses (0,65 - 0,74 ; **Glowatzki-Mullis et al., 2009**), chez la race Himalayen « Tibetan » classé comme en voie de disparition (0,67 ; **Sharma et al., 2016**), chez les races Chinoises (0,68 ; **Guangxi et al., 2016**), chez la race ovine Marocaine Beni-Ighil et chez la race Algérienne Hamra (0,78 et 0,74, respectivement ; **Gaouar et al., 2015b**), chez les populations de mouton Kivircik (Ouest d'Anatolie) (0,85 ; **Yilmaz et al., 2016**), chez les races ovines chinoises (0,59 - 0,69 ; **Chen et al., 2016**) et chez les principales races ovines marocaines (Sardi, Boudjaâd, Timahdite, Beni Guil et D'man, 0,73 ; 0,74 ; 0,76 ; 0,74 et 0,72, respectivement) dans une étude récente réalisée par **Gaouar et al (2016)** à l'aide de 22 marqueurs microsatellites.

Les faibles niveaux d'hétérozygotie obtenus indiquent que la race Tazegzawt est homogène et ne présente pas une grande variabilité génétique, dû probablement à son faible effectif et l'absence du flux génétique entre les élevages. Ce résultat est en corrélation avec les résultats morpho-métriques et phénotypiques préalablement obtenus montrant une forte homogénéité dans l'ensemble des troupeaux.

2.1.4. Indice de fixation

La race Tazegzawt présente un indice de fixation (F_{IS}) positif plus ou moins élevé de l'ordre de 0,071 (supérieur à 0). Cette valeur obtenue du F_{IS} traduit un déficit d'individus hétérozygotes montrant ainsi un niveau d'endogamie assez élevé (accouplement entre individus apparentés). La valeur du F_{IS} chez la race Tazegzawt est supérieure aux valeurs rapportées par

Gaouar et al (2015a) chez les races Hamra, Tâadmit (0,05) et D'men (0,06), par **Ciani et al (2013)** chez la race Italienne Leccese (0,05), par **Hoda et al (2009)** chez les races ovines Albanaises (0,061), par **Loukovitiset al (2016)** chez les races grecques Boutsiko ; Thessaly ; Lesvos et Sterea Ellada (0,031 ; 0,034 ; 0,042 et 0,044 ; respectivement) et comparable à celles obtenues chez les populations ovines Jordaniennes (0,078 ; **Al-Atiyat et al., 2014**), chez les populations ovines Paraguayennes (0,078 ; **Ochipinti et al., 2012**), chez le Mérinos Sud-Africaine « Grootfontein » (0,08 ; **Sandenbergh et al., 2015**), chez la brebis Espagnol Canaria (0,083 ; **Martínez et al., 2007**) mais supérieure aux valeurs obtenues par **Hoda et Ajmone Marsan (2012)** chez la race Italienne Leccese (0,041), par **Ceccobelli et al (2016)** chez la race « Pagliarola » de la région centrale d'Italie (0,048), par **Salamon et al (2012)** chez la race ovine Islandaise KRK PRAMENKA (0,034) et notablement supérieur à la valeur estimée par **Ocampo et al (2016)** chez la race Colombienne Corriedale (0,01). Cependant, le coefficient F_{IS} estimé chez la race Tazegzawt est nettement inférieur à celui de deux races en voie de disparition, la race Marocaine Beni Ighil et Algérienne Hamra (0,135 et 0,098, respectivement ; **Gaouar et al., 2015b**), de la brebis Espagnol lojeña (0,104 ; **Pablo et al., 2013**), de la population ovine Roumaine « Tsigai » (0,0981 ; **Zahan et al., 2011**), des races Tunisiennes à queue fine et à queue grasse (0,112 ; **Ben Sassi-Zaidy et al., 2014**), de la race Brésilienne « Morada Nova » (0,166 ; **Ferreira et al., 2014**) et à celui des races Marocaines Boudjaâd, D'man et Beni Guil ; 0,165 ; 0,163 et 0,132 ; respectivement) dans une étude récente réalisée par **Gaouar et al (2016)** à l'aide de 22 marqueurs microsatellites.

Néanmoins, le F_{IS} chez d'autres races est significativement négatif sur loci, notamment, chez la race ovine Grecque Lesvos ($-0,143 \pm 0,065$; **Mastranestasis et al., 2015**) dû essentiellement, selon ces auteurs, à une pratique d'élevage très fréquente qui consiste en un important échange d'animaux entre les éleveurs.

Le niveau élevé de consanguinité pourrait être le résultat de l'utilisation d'un nombre très limité de béliers pour la reproduction en raison du faible effectif de la race Tazegzawt. Ceci contribue à la réduction des individus hétérozygotes dans la population et par conséquent une perte de la variabilité génétique au cours des générations dû à la dérive génétique, entre autre. En cas de consanguinité, le déficit aurait une incidence sur l'ensemble des loci (**Hoda et Marsan, 2012**). Toutefois, la majorité des exploitations visitées ne pratiquent pas des saillies contrôlées des animaux, c'est ainsi que les croisements entre individus apparentés sont très fréquents dans les troupeaux. Aussi, la rareté des reproducteurs sur le marché à bestiaux laisse les éleveurs à

utiliser couramment les mêmes béliers. En effet, la consanguinité est connue pour son effet délétère sur les performances de croissance et la viabilité des agneaux (**Lamberson et Thomas, 1984; Boujenane et Chami, 1997; Analla et al., 1998; Van Wyk et al., 2009; Selvaggi et Dario, 2011 ; Jannoune et al., 2014**).

Tableau 9. Estimations de la diversité génétique des huit races ovines locales

Races	n	P	Nb. des SNP avec MAF 0,01	H _e (±e.s)	R (e.s)	F _{IS} [IC à 95%]
Tazegzawt	6	0,83	13498	0,33 (±0,1698)	1,60 (±0,0015)	0,071 [0,066 ; 0,0744]
Hamra	6	0,87	11625	0,35 (±0,18061)	1,63 (±0,0014)	-0,012 [-0,015 ; -0,007]
D'men	5	0,85	14236	0,36 (±0,18576)	1,64 (±0,0015)	-0,022 [-0,028 ; -0,009]
Berbère	6	0,92	8962	0,38 (±0,19599)	1,68 (±0,0012)	0,0280 [0,026 ; 0,035]
Ouled Djellal	6	0,92	9067	0,38 (±0,19497)	1,68 (±0,0013)	0,004 [0,003 ; 0,011]
Sidaoun	6	0,87	11218	0,35 (±0,17948)	1,63 (±0,0014)	0,063 [0,059 ; 0,066]
Rembi	6	0,92	9031	0,38 (±0,1954)	1,68 (±0,0013)	0,007 [0,006 ; 0,012]
Barbarine	5	0,86	12013	0,36 (±0,18860)	1,65 (±0,0014)	0,101 [0,100 ; 0,109]

n. nombre d'échantillons analysés (génotypés) ; **P.** proportion de loci polymorphes ; **Nb.** nombre ; **MAF.** Fréquence allélique mineur; **H_e.** hétérozygotie attendue ; **R.** richesse allélique pour une taille de 4 individus ; **F_{IS}.** coefficient de consanguinité (estimateur de Weir et Cockerham , 1984); **e.s.** erreur standard ; **IC.** Intervalle de confiance

3. Résultats d'analyse de la diversité génétique inter-population

3.1. Valeurs de l'indice de paires (F_{ST})

Les valeurs de F_{ST} de **Weir et Cockerham (1984)** qui différencient entre les races et estimées pour chaque paire de populations sont présentées dans le **tableau 10**. Selon les critères proposés par **Wright (1978)**, il existe une différenciation génétique modérée entre la race Tazegzawt et les autres races ovines Algériennes, notamment les races Hamra, D'men, Sidaoun, Berbère, Ouled Djellal et Barbarine. Globalement, le niveau de différenciation génétique le plus élevé a été observé entre la Tazegzawt/Hamra (0,109), la Tazegzawt/D'men (0,101) et les différenciations les plus faibles ont été enregistrées entre la Tazegzawt/Berbère (0,068), la Tazegzawt/Rembi (0,068) et la Tazegzawt/Ouled Djellal (0,070).

Nos valeurs moyennes de F_{ST} sont nettement supérieures à celles rapportées par **Ocampo et al (2016)** entre les races colombiennes (0,039), par **Mastranestasis et al (2015)** entre les races grecques (0,021), par **Gaouar et al (2015a)** dans leur étude portant sur l'évaluation de la dilution génétique chez les principales races blanches ovines algériennes en utilisant un ensemble de 30 marqueurs microsatellites (0,007 - 0,015), par **Kdidi et al (2015)** entre les races Tunisiennes (0,017) et par **Gaouar et al (2016)** entre la race Timahdite et la race Boudjaâd (0,023) et entre la race Sardi et Timahdite (0,027).

Le degré de différenciation génétique entre la race Tazegzawt et les autres races ovines locales reste, globalement, comparable à celui rapporté par la littérature : entre les 7 races Italiennes (Bagnolese, Laticauda, Comisana, Sarda, Gentile di Puglia, Altamura, Leccese ; [0,055 à 0,075] $IC_{95\%}$; **Ciani et al., 2013**), entre les populations ovines des régions du Nord et celles du Sud Jordaniennes [0,0057 à 0,228], **Al- Atiyat et al., 2014**), entre les populations de moutons du Nord de l'Espagne (0,061; **Álvarez et al., 2004**), entre les rameaux de la race Brésilienne « Morada Nova » (0,070 ; **Ferreira et al., 2014**), entre races alpines de l'Italie, d'Allemagne et de Slovénie (0,057 ; **Dalvit et al., 2008**), entre deux races Uruguayennes Mérinos et Coriedale (0,08 ; **Andrés et al., 2014**), entre les races de la région centrale d'Italie (0,060 ; **Ceccobelli et al., 2016**).

Tableau 10. Valeurs de l'indice de paires F_{ST} (sous la diagonale) entre les sept races ovines Algériennes

	Tazegzawt	Hamra	D'men	Berbère	O.D	Sidaoun	Rembi
Hamra	0,109						
D'men	0,101	0,071					
Berbère	0,068	0,042	0,034				
O.D.	0,070	0,042	0,034	0,004*			
Sidaoun	0,104	0,074	0,045	0,041	0,040		
Rembi	0,068	0,041	0,033	0,002*	0,000*	0,040	
Barbarine	0,096	0,067	0,060	0,029	0,029	0,066	0,028

* Pas de différences significatives ($p < 0,001$). O.D. Ouled Djellal

3.2. Résultats d'analyse MDS

La matrice des distances génétiques entre les paires des races ovines algériennes a montré que la race Tazegzawt est incontestablement distincte des autres races ovines locales conjointement avec la race Hamra (**Figure 35**). Ce qui lève l'ambiguïté liée à son origine qui stipule que cette race est un rameau de la population Ouled Djellal. Par ailleurs, cette matrice permet de distinguer trois autres groupes génétiques : i. La Ouled Djellal, la Barbarine, la Rembi et la berbère, ii. La Sidaoun et la D'men, iii. La Hamra.

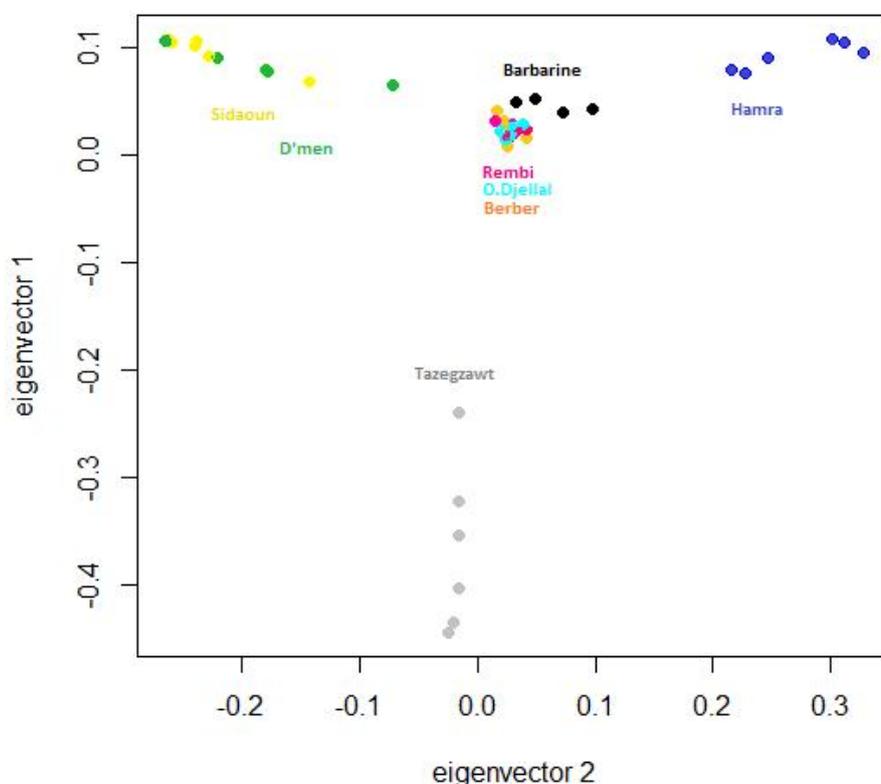


Figure 35. « Multidimensional Scaling analysis » (MDS) avec les huit races de moutons algériens

3.3. Résultats d'analyse Bayésienne des groupes (ou clustering analyses)

La **figure 36** présente graphiquement la structure génétique de la race Tazegzawt. L'analyse Bayésienne des groupes réalisée avec le programme Structure à partir de tous les échantillons a permis de regrouper les différentes populations en K catégories.

Quand on suppose l'existence de deux populations ancestrales ($K=2$), les individus de la race Tazegzawt ont été les premiers à se détacher clairement pour former un cluster distinct (en bleu), montrant, ainsi, une nette différenciation. Ceci reflète l'originalité de cette race. Tandis qu'à $K = 3$, un cluster différent se distingue comprenant à la fois la D'men et la Sidaoun (en jaune), mettant en évidence, ainsi, une similitude élevée de leur constitution génétique. Toutefois, à $K = 4$, un cluster spécifique de la race de Hamra est apparu (en rose), ce qui indique que les quatre races ne présentent pas une ressemblance génétique et laisse supposer qu'elles n'appartiennent pas au même groupe génétique. Dans un scénario permettant l'existence de cinq populations distinctes ($K = 5$), le cluster regroupe l'ensemble des individus des races Ouled Djellal / berbère / Barbarine / Rembi avec une légère individualisation de la Barbarine à partir de ce point. Le cluster $K = 8$, la berbère se distingue de la Ouled Djellal et Rembi qui étaient les seules races restantes encore bien mélangés et confondus à cette étape de l'analyse.

Les résultats de cette analyse rejoignent en partie ceux obtenus par l'étude de **Gaouar et al., (2015a)**, notamment l'évidente différenciation entre les race Hamra, D'men et Sidaoun avec les autres races locales.

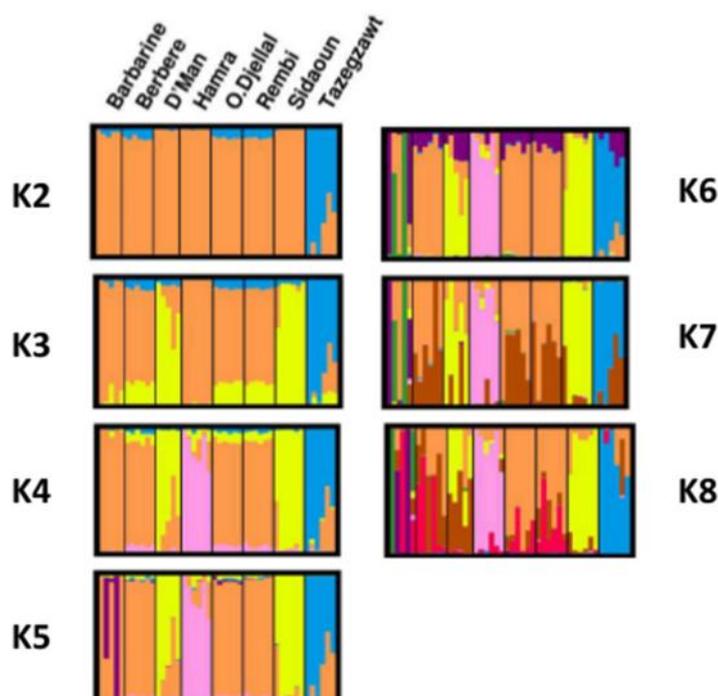


Figure 36. Résultats de l'analyse Bayésienne obtenus sur la base des scénarios $K = 2$ à 8 des huit races ovines Algériennes étudiées

3.4. Arbre phylogénétique

La **Figure 37** présente l'arbre du maximum de vraisemblance établi par SNPhylo. Cet arbre a permis d'examiner la relation de parenté entre les races de moutons algériens selon une autre méthode. L'analyse de l'arbre montre que tous les individus des races Tazegzawt, Hamra et Sidaoun, ont été regroupés dans leur groupe d'origine. L'organisation de la branche a suggéré que Sidaoun et D'men étaient proches présentant un bootstrap de 58 %. Ces races partagent de fortes ressemblances phénotypiques, en plus d'être deux races du sud, ce qui concorde avec les résultats obtenus par **Boushaba (2007)**. Les races Berbère et Rembi ont été largement mélangés ensemble. La race Barbarine apparue divisée en deux groupes; un groupe comprenant Barbarine et berbères et une autre avec Barbarine et Ouled Djellal.

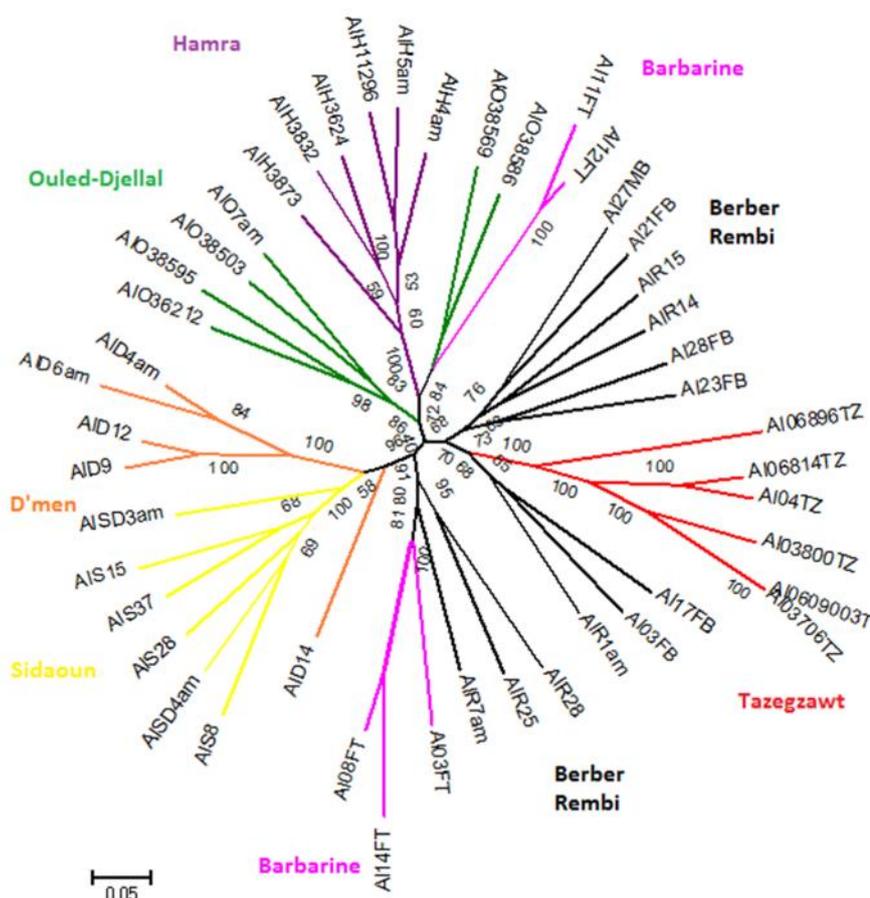


Figure 37. Arbre phylogénétique entre les individus des races ovines Algériennes à partir des probabilités maximales (Maximum Likelihood- ML)

AI03FB - AI17FB - AL27MB - AI21FB - AI28FB et AI23FB appartiennent à la race berbère ; AIR15 - AIR14 - AIR1am - AIR28 - AIR25 et AIR7 appartiennent à la race Rembi.

Les valeurs au-dessus des nœuds sont les valeurs de bootstrap en pourcentage
Seules les valeurs bootstrap 40 % sur l'arbre phylogénétique sont représentées.

CONCLUSION DE LA QUATRIEME PARTIE

- Cette étude, bien que basée sur un nombre restreint d'individus, a mis en évidence une variabilité génétique intra-race relativement faible et une différenciation génétique importante de la race Tazegzawt en comparaison à celles observées dans les grandes populations ovines. Cette faible diversité s'explique en partie par la réduction importante des effectifs et les risques d'extinction s'en retrouvent accrus ; la valeur du Fis enregistrée indique que la population Tazegzawt est homogène sur le plan génétique.
- Il semble que la race Tazegzawt est menacée par des croisements consanguins en dépit de son petit effectif qui pourraient entraîner l'évolution progressive de la structure génétique vers l'homozygotie, ce qui conduira certainement à la réduction davantage du niveau de la diversité génétique dans cette race, et peut également affecter sa productivité et sa rusticité à long terme.
- Cette étude confirme également l'isolement et la spécificité génétique de cette race par rapport aux autres races ovines Algériennes ;
- Les résultats du présent travail suggèrent la nécessité de mettre en place un plan de conservation visant à préserver et à accroître la variabilité génétique de la race étudiée compromise par le niveau élevé de consanguinité du troupeau. Le génotypage par les SNP pourrait aider à contrôler la variabilité de la race. Ceci permettra de conserver la biodiversité pour les générations futures.

CINQUIEME PARTIE :

*APTITUDES ZOOTECHNIQUES DE LA
RACE TAZEGZAWT*

CINQUIEME PARTIE : APTITUDES ZOOTECHNIQUES DE LA RACE TAZEGZAWT

CHAPITRE I : MATERIEL ET METHODES

1. Lieu du déroulement

L'étude a été menée sur des animaux élevés dans la station de recherche de l'INRAA Oued Ghir (Bejaïa), située à 12 km au sud-ouest du chef-lieu de wilaya à 66 mètres d'altitude, elle a pour coordonnées géographiques 36° 42' 37" de latitude Nord et 4° 58' 38" de longitude Est. La région est caractérisée par un Climat méditerranéen avec des températures annuelles moyennes variant entre 12,9 °C et 22,1°C et une pluviométrie annuelle moyenne de 767 mm.

2. Performances de reproduction chez la brebis

2.1. Lutte

En raison de sa bonne performance pondérale, la mise à la reproduction de la brebis Tazegzawt est possible entre 14 et 18 mois. La lutte pratiquée dans cette étude est la saillie naturelle par lot, sans recours à aucun traitement hormonal. Il s'agit de mettre un seul bélier dans un lot de brebis durant une période déterminée (entre 8 et 10 semaines). Dans ce cas, le contrôle de paternité est possible mais les performances de reproduction sont plus aléatoires et dépendent de l'ardeur du bélier. Nous avons opté pour l'effet mâle afin d'évaluer la réponse de la brebis Tazegzawt à cette méthode biologique. Après un isolement physique, olfactif, auditif et visuel, nous avons introduit les béliers dans les troupeaux de brebis supposées cyclées. Les antenaises sont mises à la reproduction, lorsqu'elles atteignent le 2/3 du poids adulte (environ 35 kg).

Quatre luttes ont été programmées au total depuis 2011, mais le nombre réduit de brebis mises en lutte était généralement le facteur limitant. De ce fait, nous présentons les résultats des luttes d'automne des années 2013 et 2014 durant lesquelles l'effectif expérimental était relativement important.

Les poids et les notes d'état corporel lors des luttes des années 2013 et 2014 ont été de $55,24 \pm 7,81$ kg et de $3,23 \pm 0,39$.

2.2. Evaluation des paramètres de reproduction

Nous avons évalué quelques paramètres de reproduction après chaque période des mises bas ou bien suite à un diagnostic de gestation par échographie à 60 jours post-saillies :

$$\text{Taux de fertilité} = \frac{\text{Nombre de mise bas (avortements connus compris)}}{\text{Nombre de femelles mises en lutte}} \times 100$$

$$\text{Taux de prolificité} = \frac{\text{Nombre d'agneaux nés vivants ou morts}}{\text{Nombre de mises bas}} \times 100$$

$$\text{Taux de fécondité} = \frac{\text{Nombre d'agneaux nés vivants ou morts}}{\text{Nombre de femelles mises en lutte}} \times 100$$

$$\text{Taux de mortalité des agneaux périnatale} = \frac{\text{Nombre d'agneaux morts}}{\text{Nombre d'agneaux nés vivants}} \times 100$$

3. Performances de production

3.1. Poids et aptitude de croissance des agneaux

C'est l'augmentation de la masse corporelle (poids vif) par unité de temps (**Dudouet, 1997**). Toutefois, parmi les principaux critères d'appréciation de la production de viande chez les ovins sont : la vitesse de croissance, le rendement en viande et la qualité de la carcasse.

3.1 .1. Animaux

Au total 52 individus (25 agneaux et 27 agnelles) nés au printemps des années 2013 et 2014, ont été soumis à un contrôle de croissance corporelle. Tous les agneaux sont pesés et identifiés dès la naissance. Leur date de naissance, sexe et type de naissance ont été enregistrés sur une fiche élaborée préalablement.

Les animaux sont conduits en stabulation permanente. L'alimentation des agneaux au cours du premier mois de leur vie est exclusivement lactée. A partir du deuxième mois, les agneaux ont reçu à volonté un concentré commercial (ONAB ou CAA). Après sevrage, les agneaux ont été soumis à une alimentation de type semi intensive avec un fourrage de bonne qualité complété avec un aliment concentré couplé avec le pâturage quand si est possible. Des pierres à lécher (KNZ) sont mises à la disposition des animaux pour compenser les besoins en minéraux et l'eau est distribuée ad libitum.

Les animaux ont subis des vaccinations contre les maladies contagieuses et des traitements antiparasitaires internes et externes (Distomatose, strongylose, gales).

3.1.2. Paramètres de croissance mesurés

Dans la présente étude, les paramètres mesurés sont les poids aux âges types (PAT) de 10, 30, 70, 90 et 180 j afin de caractériser les diverses phases de la croissance des jeunes. À partir des poids aux différents âges types, nous avons calculé les gains moyens quotidiens (GMQ 0-10j, GMQ10-30j, GMQ30-70j, GMQ70-90j et GMQ 90-180j). Le critère (GMQ10-30j) est un indicateur de la valeur laitière de la mère alors que la croissance entre 30-70 jours est utilisée comme critère caractérisant la précocité de l'agneau et ses aptitudes de croissance propre. Les différents poids aux âges types ont été obtenus par interpolation linéaire entre les différentes pesées effectuées.

- Les poids à âge types et la vitesse de croissance des agneaux sont présentés selon le sexe et le mode de naissance.
- Un test de corrélation entre les différents poids à âge type a été réalisé.

Le poids vif a été mesuré à l'aide d'un peson dynamométrique d'une portée de 50 kg et une précision de graduation de 100g (**Figure 38**).

Les PV et GMQ sont exprimés en kg et g/jour, respectivement.



Figure 38. Peson dynamométrique utilisé pour la pesée

3.2. Production et qualité de la laine

Afin de déterminer la production et la qualité de la laine chez cette race durant deux années consécutives (2012 et 2013), nous avons procédé aux opérations suivantes :

- Appréciation de la toison de l'animal sur pied (elle s'apprécie à l'œil nu et à la main) : pour évaluer la densité, c'est à dire la grande proximité de chaque fibre, elle est appréciée par la résistance de la toison à une pression exercée par la main et/ou en écartant la laine sur les flancs de l'animal,
- Appréciation visuelle du taux de jarres,
- Longueur de la fibre (en cm) : elle est mesurée sur l'animal sur pied par un ruban mètre ou par un double décimètre (**Figure 39**).



Figure 39. Mesure de la longueur de la fibre

- Chantier de tonte : Il s'agit en effet de préparer et d'amener les lots des bêtes à tondre, de récupérer et plier les toisons (**Figures 40a et 40b**). Tous les ovins adultes (brebis et béliers) âgés de plus d'une année étaient concernés par la tonte à l'aide d'une tondeuse électrique. La tonte se fait de mi-mai à mi-juin à l'aide d'une tondeuse électrique.
- Pesée de la toison brute : on pèse la toison de chaque individu tondu à l'aide d'un peson électronique d'une portée de 50 kg et 10 g de précision (poids de la toison est exprimé en kg).

La longueur de la laine plus sa densité déterminent le poids de la toison.



Figures 40a et 40b. Quai de tonte

- Le lavage : à l'état brut, la laine contient de graisse et d'impuretés. Elle est donc lavée, afin d'enlever tous les corps étrangers, et la plus grande partie de la graisse.

Le lavage a été fait en deux étapes : le louvetage, qui est un traitement à sec visant à dépoussiérer la laine, puis le lavage proprement dit, qui consiste à passer la laine dans une série de bains, à base d'eau chaude, de savon (pour dégraisser) :

- Trempage (hydratation et élimination de la terre et du suint hydrosoluble)
- Dégraisage (élimination de la suintine, c'est à dire de la graisse qui ne peut partir que sous l'action du savon)
- Lavage
- Rinçage

- Séchage
- Détermination du Rendement commercial en % (Perte au lavage). Il correspond à la quantité de laine réellement utilisable.

$$R (\text{Rendement}) = \frac{\text{poids de la laine lavée}}{\text{poids de laine brute}} \times 100$$

- Description de la couleur de la laine après lavage,
- Analyse en laboratoire des échantillons de toisons issus de 15 individus de l'année 2012 et de 25 individus de l'année 2013 pour déterminer la finesse d'un brin de laine qui s'exprime par son diamètre moyen. Généralement la finesse est la qualité qu'on recherche le plus dans la laine des moutons pour l'industrie textile.

Les diamètres des brins ont été déterminés par la méthode microscopique au Laboratoire d'Histologie CHU d'Annaba. L'unité de mesure est le micron, qui correspond au millionième d'un mètre.

La technique est la suivante :

- a. Lavage de la mèche de la laine à l'eau savonneuse,
- b. Séchage,
- c. La mesure a été effectuée grâce au vis micrométrique montée sur le microscope « Zeiss Primo Star » et s'est effectuée dans les zones où les filaments sont bien aplaties et parallèles à la superposition lame lamelle.

4. Analyse statistique

La statistique descriptive moyenne (écart-type, erreur-type, minimum et maximum) et l'analyse de variance à un facteur (ANOVA) ont été effectuées avec le logiciel **SPSS (2010 version 19.0)**.

Les résultats de corrélation ont été calculés par le test de Pearson pour l'évaluation de la relation entre poids vifs aux différentes phases de croissance des agneaux.

Toutes les moyennes des résultats ont été calculées avec leurs erreurs standards moyennes (moyenne \pm E.S). La différence statistique a été déclarée à $p < 0,05$.

Les moyennes et les écarts types des poids de la toison brut et après lavage ainsi que la longueur de la fibre ont été calculés avec le logiciel Excel 7.0.

CHAPITRE II : RESULTATS ET DISCUSSION

1. Performances de reproduction

Sur le plan physiologique, la race Tazegzawt répond parfaitement à l'effet bélier. L'utilisation de cette méthode biologique a permis un meilleur regroupement des mises bas sur une période ne dépassant guère les 15 jours. Ceci s'explique par le fait que l'ovulation a eu lieu 48 h après l'introduction des béliers dans le troupeau des brebis suivie par un cycle normal et les chaleurs qui s'en suivent se manifestaient à J16-J18 selon **Thimonier et al (2000)**.

Les différents paramètres de reproduction enregistrés dans notre étude de deux années consécutives sont récapitulés dans le **tableau 11**. Il ressort que la race Tazegzawt montre de bonnes performances de reproduction, avec un intervalle entre les mises bas permettant un rythme d'agnelage de 3 mises bas en 2 ans ou 4 agnelages en 3 ans, le taux de fertilité des brebis de race Tazegzawt à la suite d'une saillie naturelle est en moyenne de 84,22 %, avec un taux de 86,96 % enregistré en 2013, une prolificité relativement remarquable qui s'élève à plus 150% due à une forte proportion de portées multiples avec une moyenne de 1,60 agneaux par brebis et par portée enregistré en 2013. En effet, les valeurs élevées de la prolificité (composante essentielle de la productivité de l'élevage), sans stimulation hormonale, pourraient classer la race Tazegzawt parmi les races ovines secondaires algériennes la plus prolifique. La bonne fertilité obtenue durant la lutte d'automne, considérée comme une saison favorable pour la reproduction chez les petits ruminants, devra être évaluée aussi durant la lutte de printemps pour connaître, si cette race est influencée par le photopériodisme et par conséquent, si elle saisonnée ou pas. Aussi, la fécondité moyenne qui dépend de l'aptitude des brebis à être gestantes (fertilité) et du nombre d'agneaux par portée (prolificité) semble intéressante chez la race Tazegzawt (une moyenne au alentour de 127%).

Le taux moyen des mortalités néonatales (0 - 3 jours) est faible dans le troupeau expérimental, il avoisine les 4 % avec des variations interannuelles allant de 6,25 % et 2,70 % en 2013 et 2014, respectivement, ce qui correspond à des taux de viabilité de 93,75 % et 97,3 %,

respectivement. La cause de ces mortalités est généralement la subviabilité à la naissance, liée à un faible poids notamment, les individus issus des portées multiples. Néanmoins, le pourcentage des avortements est nul.

Les résultats obtenus sont proches aux taux calculés à partir des résultats d'enquêtes par **Hambli et Tazarat (2003)** chez la race Tazegzawt (72 % et 154%, pour la fertilité et la prolificité, respectivement). Dans les mêmes conditions d'élevage, la fertilité de la brebis enregistrée dans cette étude est comparable à celle des standards des races ovines locales (89 % pour la Ouled Djellal; **IANOR, 2007a**), (90% pour la Rembi; **IANOR 2013**), (86 % pour la race Hamra; **IANOR, 2007b**), de la race Tunisienne Noire de Thibar (90,5 % ; **Hammami et al., 2014**), de la race Boujaâd (89 % ; **El Fadili, 2008**) et de la race Beni Guil (91 % ; **El Fadili, 2009**). Néanmoins, la brebis Tazegzawt est moins fertile que la race Sardi (98 % ; **Chikhi et Boujenane, 2003**), alors que la prolificité est nettement supérieure par rapport aux races Ouled Djellal (110 % ; **IANOR, 2007a**), Rembi (115 % ; **IANOR 2013**), Hamra (115 % ; **IANOR, 2007b**), Sardi (129 % ; **Chikhi et Boujenane, 2003**), Boujaâd (109 % ; **El Fadili, 2009**), Noire de Thibar Tunisienne (120 % ; **Hammami et al., 2014**), la race Mérinos de Rambouillet (123 % ; **Anonyme, 2010**) et Timahdite (105 % ; **Boujenane et Kansari, 2005**) mais comparable à celle de la Lacaune (175 % ; **Babo, 2000**).

Tableau 11. Principaux paramètres technico-économiques des troupeaux

	Lutte d'automne 2013 (n = 23)	Lutte d'automne 2014 (n = 27)	Moyenne
Fertilité (%)	86,96	81,48	84,22
Prolificité (%)	160	140,91	150,45
Fécondité (%)	139,13	114,81	126,97
Taux de mortalité des agneaux (%)	6,25	2,70	4,48

n. Nombre de femelles mises en lutte

2. Performances de production

2.1. Poids et aptitude de croissance des agneaux

Les moyennes arithmétiques, les écarts-types et la variance des caractères de croissance des agneaux de race Tazegzawt sont rapportés dans le **tableau 12**.

Le poids vif moyen à la naissance des agneaux, recueillis sur une période de deux années (2013 et 2014) est de $4,72 \pm 0,92$ kg, il varie de 2,3 à 6,3 kg en fonction de la taille de la portée indépendamment du sexe. Les poids moyens des agneaux sont de $7,22 \pm 1,27$ kg, $12,17 \pm 2,18$ kg, $21,63 \pm 3,02$ kg et $25,80 \pm 3,69$ kg, respectivement à 10, à 30, à 70 et à 90 jours. Nous remarquons que le poids présente une augmentation importante à partir du deuxième mois, pour atteindre la plus grande valeur à 180 jours (**Figure 41**). Dans les conditions d'élevage favorables, cette race atteint un poids moyen post sevrage (âge à 180 jours) voisin de $37,08 \pm 5,16$ kg ($37,71 \pm 5,65$ kg chez le mâle et $36,38 \pm 4,62$ kg chez la femelle).

Les performances pondérales et de croissance chez la race Tazegzawt sont importantes essentiellement à cause de la forte vitesse de croissance des agneaux. Les performances moyennes de croissance de cette race sont de $247,48 \pm 72,45$ g/j en GMQ naissance - 10j et puis diminue avec l'âge pour atteindre $208,64 \pm 86,20$ g/j en GMQ 70-90j. La valeur relativement élevée du GMQ 0-10j est probablement due à la forte production laitière de la brebis de cette race.

Le poids à la naissance des agneaux chez cette race est largement important par rapport aux autres races (3,5 kg chez la Ouled Djellal ; **IANOR, 2007**), (4 kg chez la Rembi ; **IANOR, 2013**), (3,1 kg chez la Hamra ; **IANOR, 2007**), (2,60 kg chez la race D'Man ; **Mahouachi et al., 2004**), (3,7 kg chez la race Sardi ; **Boujenane et al., 2001**), (3,72 kg chez la race Timahdite ; **Boujenane et Kansari, 2005**), Ile- de- France (2,8 kg ; **Boujenane, 2005**) et comparable à celui de la race Marocaine Boujaâd (4,95 kg ; **El Amiri et al., 2010**), de la race Awassi du Moyen Orient (4,3 kg ; **Kridli et al., 2006**), de la race Mexicaine Blackbelly (4,5 kg ; **Herrera-Alarcón et al., 2007**)

Les performances de croissance réalisées par les agneaux de la race Tazegzawt sont comparables à celles d'autres races locales algériennes. On note des poids moyens de 12 kg et 29 kg, à 30 j et à 120 j, respectivement chez la race Ouled Djellal (**IANOR, 2007a**), de 9,92 kg, 15,44 kg et 22,06 à 30 j, à 60 j et à 90 j, respectivement chez la race Rembi (**IANOR, 2013**).

Toutefois, les résultats de cette étude sont largement supérieurs aux valeurs moyennes rapportées par **Kerfal et al (2005)** chez la race D'Man (7,69 kg et 19,8 kg, respectivement à 30 et à 90 jours d'âge), par **Rekik et al (2008)** chez la même race (3,4 Kg, 5,9 Kg, 11,4 Kg, 13,1 Kg, respectivement à 10, à 30, à 70 et à 90 jours avec un GMQ de 100 g/j entre l'âge de 10 et 30

jours, par **Chikhi et Boujenane (2003)** chez la race Sardi, la plus importante race Marocaine (10,9kg ; 22,5 kg et 35,7 kg à 30 ; 90 et 180 jours, respectivement avec un GMQ de 224 g/j entre 0-30j et 194 g/j entre 30 et 90 jours) et par **Boujenane et Kansari (2005)** chez la race Timahdite (9,56 kg et 17,9 kg à 30 et 70 j, respectivement).

Tableau 12. Poids moyens aux âges types et GMQ des agneaux indépendamment du sexe

	N	Moyenne	Ecart type	Minimum	Maximum	Erreur standard	Variance
P naissance	52	4,72	0,92	2,3	6,3	0,13	0,85
P10j	49	7,22	1,27	4,5	9,8	0,18	1,62
P30j	49	12,17	2,18	8	16	0,31	4,74
P70j	46	21,63	3,02	16,5	29	0,44	9,09
P90j	46	25,80	3,69	19,5	35,5	0,54	13,62
P180j	36	37,08	5,16	27	47	0,86	26,65
GMQ (0-10j)	49	247,45	72,22	140	450	10,32	5215,75
GMQ (10-30j)	49	247,50	66,04	80	390	9,43	4361,72
GMQ (0-30j)	49	247,48	53,68	120	353,33	7,67	2881,63
GMQ (30-70j)	46	233,72	50,50	117,5	325	7,45	2549,76
GMQ (70-90j)	46	208,64	86,20	75	525	12,71	7429,92
GMQ (90-180j)	36	116,90	40,64	5,56	208,33	6,77	1651,82

P. Poids N. Nombre d'individus

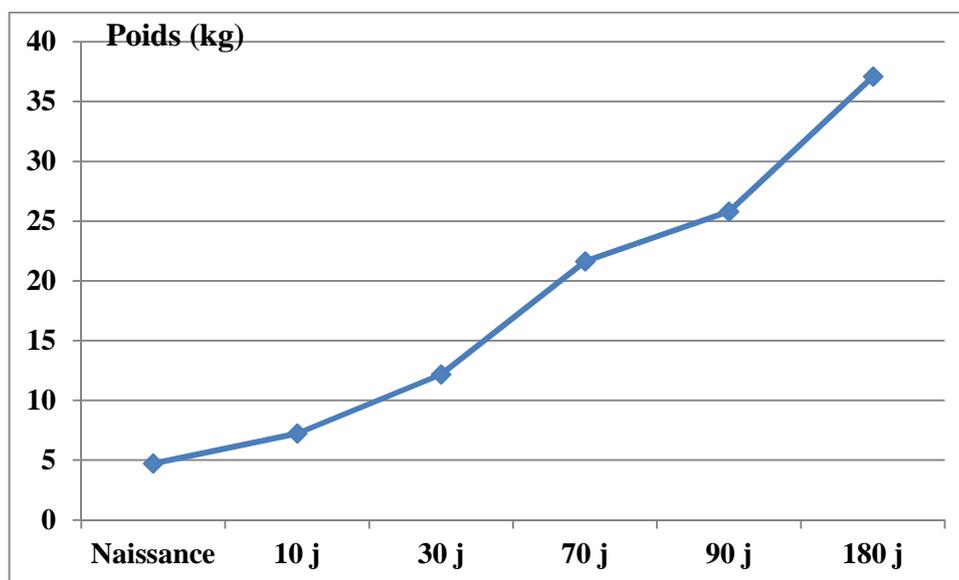


Figure 41. Evolution du poids moyen à âges type indépendamment du sexe

Les agneaux mâles sont légèrement plus lourds que les femelles à la naissance ($4,84 \pm 1,02$ kg contre $4,62 \pm 0,83$ kg), les mâles ont pesé 0,22 kg de plus que les femelles. Certains individus issus de portées simples naissent avec un poids à la naissance qui dépasse les 6 kg.

Généralement, les mâles sont toujours plus lourds que les femelles, chez la race Tazegzawt cette différence n'est pas marquée puisque les poids des deux sexes de la naissance jusqu'à l'âge de 30 jours sont très proches, c'est à partir de l'âge de 70 jours que la différence de poids est remarquable en faveur des mâles (**Tableau 13**). Donc, l'effet sexe est d'autant plus important que les agneaux sont âgés. Ces résultats sont en accord avec ceux de nombreux auteurs (**Huidobro et Jurado, 1989 ; Boujenane et Kerfal, 1990 ; Theriez et al, 1997 ; Chikhi et Boujenane, 2004**). Les écarts de poids entre les deux sexes à 70 jours sont de 1,61 et 2,37 kg à 90 jours, correspondant à une différence de GMQ de 16,06 g/j entre 30 et 70 jours et 38 g/j entre 70 et 90 jours. Ces résultats sont comparables avec ceux de **Jurado et al (1986)** pour la race Espagnol Merina ; **Boujenane et Kerfal (1990)** pour la race D'Man.

Tableau 13. Poids moyens aux âges types et GMQ des agneaux selon le sexe

		N	Moyenne	Ecart-type	Erreur standard	Minimum	Maximum
P naissance	Agneaux	25	4,84	1,02	0,20	2,30	6,30
	Agnelles	27	4,62	0,83	0,16	3,40	6,10
	Total	52	4,72	0,92	0,13	2,30	6,30
P10j	Agneaux	24	7,45	1,23	0,25	4,50	9,80
	Agnelles	25	7,00	1,30	0,26	5,40	9,50
	Total	49	7,22	1,27	0,18	4,50	9,80
P30j	Agneaux	24	12,43	2,28	0,47	8,00	16,00
	Agnelles	25	11,92	2,09	0,42	8,70	15,60
	Total	49	12,17	2,18	0,31	8,00	16,00
P70j	Agneaux	22	22,47	2,99	0,64	17,50	29,00
	Agnelles	24	20,86	2,89	0,59	16,50	27,00
	Total	46	21,63	3,02	0,44	16,50	29,00
P90j	Agneaux	22	27,04	3,90	0,83	21,00	35,50
	Agnelles	24	24,67	3,16	0,64	19,50	30,00
	Total	46	25,80	3,69	0,54	19,50	35,50
P180j	Agneaux	19	37,71	5,65	1,30	27,00	47,00
	Agnelles	17	36,38	4,62	1,12	30,00	45,00
	Total	36	37,08	5,16	0,86	27,00	47,00
GMQ (0-10j)	Agneaux	24	255,83	71,12	14,52	150,00	390,00
	Agnelles	25	239,40	73,80	14,76	140,00	450,00
	Total	49	247,45	72,22	10,32	140,00	450,00
GMQ (10-30j)	Agneaux	24	248,85	73,01	14,90	80,00	365,00
	Agnelles	25	246,20	60,10	12,02	142,50	390,00
	Total	49	247,50	66,04	9,43	80,00	390,00
GMQ (0-30j)	Agneaux	24	251,18	53,99	11,02	120,00	343,33
	Agnelles	25	243,93	54,25	10,85	158,33	353,33
	Total	49	247,48	53,68	7,67	120,00	353,33
GMQ (30-70j)	Agneaux	22	242,10	54,51	11,62	162,50	325,00
	Agnelles	24	226,04	46,34	9,46	117,50	320,00
	Total	46	233,72	50,50	7,45	117,50	325,00
GMQ (70-90j)	Agneaux	22	228,52	102,29	21,81	100,00	525,00
	Agnelles	24	190,42	65,26	13,32	75,00	325,00
	Total	46	208,64	86,20	12,71	75,00	525,00
GMQ (90-180j)	Agneaux	19	113,30	48,28	11,08	5,56	208,33
	Agnelles	17	120,92	30,97	7,51	50,00	166,67
	Total	36	116,90	40,64	6,77	5,56	208,33

P. Poids **N.** Nombre d'individus

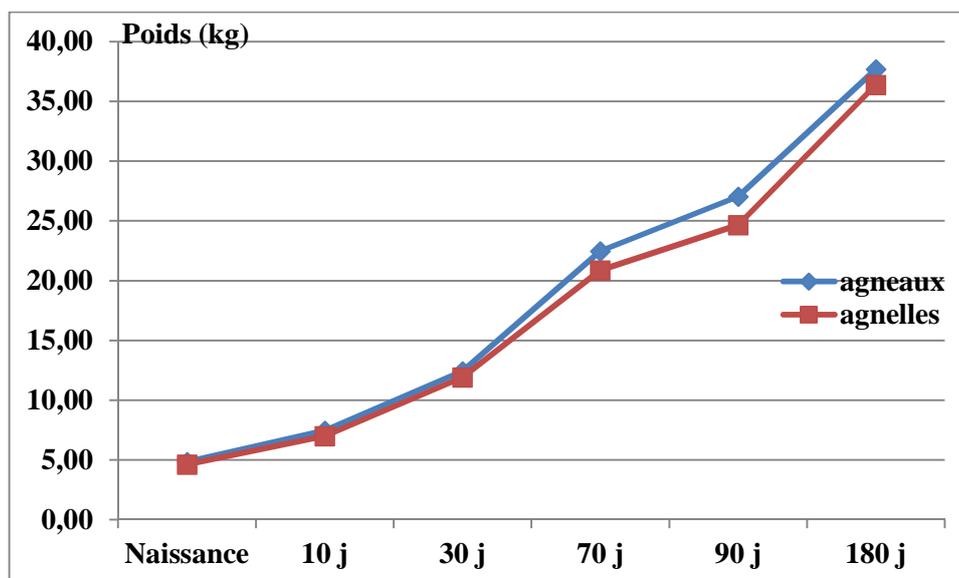


Figure 42. Evolution du poids moyen à âges type selon le sexe

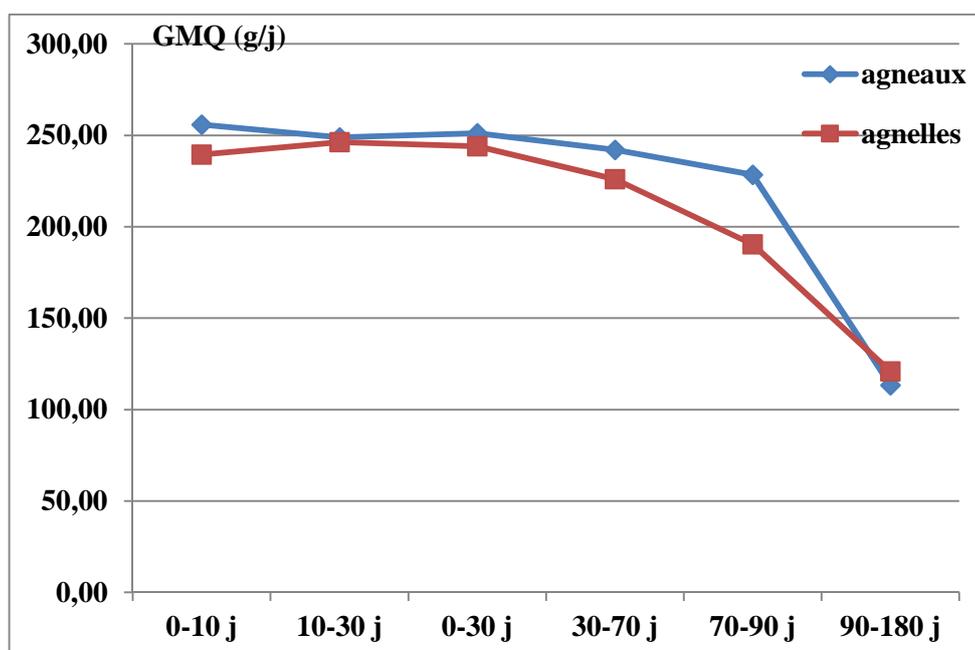


Figure 43. Evolution de la croissance moyenne selon le sexe

Cependant, le mode de naissance de l'agneau est une source importante de variabilité de poids aux âges types et de la vitesse de croissance. Cette étude a mis en évidence des différences de poids et de croissance entre les agneaux simples et doubles (**Tableau 14**). Ces résultats confirment ceux de **Kerfal et al (2005)** qui ont affirmé que le poids à la naissance diminue significativement avec l'accroissement de la taille de la portée. Ces différences sont aussi constatées par certains auteurs (**Madani, 1987 ; Theriez, 1991 et Boussema et al., 2013**).

La différence moyenne de poids entre les simples et les doubles varie de 0,94 à 1 kg à la naissance, 2,63 kg à 30 jours et 2,18 kg à 90 jours, avec une différence de vitesse de croissance de 54,85 g/j entre la naissance et 30 jours et 18,63 g/j entre 70 et 90 jours d'âge. De nombreux auteurs s'accordent à montrer que le mode de naissance est le facteur qui affecte le plus nettement le poids à la naissance et la croissance des agneaux (**Desvignes et al., 1966 ; Boujenane et Kerfal, 1990 ; Boujenane et Mharchi, 1992 ; Rekik et al., 2008**). **Theriez et al (1976)** observent que les agneaux issus de portée doubles et triples pèsent respectivement 86 et 73 % du poids des agneaux nés simples. Cette différence est due au phénomène de concurrence des multiples au cours de la vie fœtale et pendant la période d'allaitement (**Fraysse et Guitard, 1992**).

D'autre part, la vitesse de croissance des agneaux, indépendamment du sexe et du mode de naissance, a tendance à diminuer partir de l'âge de 70 j (**Figures 43 et 45**), contrairement au poids vif qui présente une évolution continue jusqu'à l'âge adulte (**Figures 42 et 44**). Nous remarquons qu'au fur et à mesure que l'agneau avance en âge, son gain de poids exprimé par le gain moyen quotidien ralenti. Ce résultat est en accord avec l'étude réalisée par **Bedhiaf et al (2000)**.

Tableau 14. Poids moyens aux âges types et GMQ des agneaux selon le mode de naissance

		N	Moyenne	Ecart- type	Erreur standard	Minimum	Maximum
P naissance	Simple	42	4,90	0,80	0,12	3,40	6,30
	Double	10	3,96	1,04	0,33	2,30	5,50
	Total	52	4,72	0,92	0,13	2,30	6,30
P10j	Simple	39	7,53	1,14	0,18	5,40	9,80
	Double	10	6,00	1,03	0,33	4,50	8,30
	Total	49	7,22	1,27	0,18	4,50	9,80
P30j	Simple	39	12,71	2,00	0,32	8,40	16,00
	Double	10	10,08	1,51	0,48	8,00	13,10
	Total	49	12,17	2,18	0,31	8,00	16,00
P70j	Simple	38	21,94	2,97	0,48	17,00	29,00
	Double	8	20,13	2,94	1,04	16,50	24,00
	Total	46	21,63	3,02	0,44	16,50	29,00
P90j	Simple	38	26,18	3,67	0,59	20,50	35,50
	Double	8	24,00	3,46	1,22	19,50	29,50
	Total	46	25,80	3,69	0,54	19,50	35,50
P180j	Simple	30	37,47	5,30	0,97	27,00	47,00
	Double	6	35,17	4,29	1,75	30,50	43,00
	Total	36	37,08	5,16	0,86	27,00	47,00
GMQ (0-10j)	Simple	39	258,59	74,97	12,01	140,00	450,00
	Double	10	204,00	38,06	12,04	160,00	280,00
	Total	49	247,45	72,22	10,32	140,00	450,00
GMQ (10-30j)	Simple	39	258,72	67,76	10,85	80,00	390,00
	Double	10	203,75	34,75	10,99	155,00	240,00
	Total	49	247,50	66,04	9,43	80,00	390,00
GMQ (0-30j)	Simple	39	258,68	53,36	8,54	120,00	353,33
	Double	10	203,83	26,20	8,29	163,33	253,33
	Total	49	247,48	53,68	7,67	120,00	353,33
GMQ (30-70j)	Simple	38	232,11	51,39	8,34	117,50	325,00
	Double	8	241,41	48,46	17,13	185,00	325,00
	Total	46	233,72	50,50	7,45	117,50	325,00
GMQ (70-90j)	Simple	38	211,78	87,77	14,24	75,00	525,00
	Double	8	193,75	82,10	29,03	100,00	325,00
	Total	46	208,64	86,20	12,71	75,00	525,00
GMQ (90-180j)	Simple	30	118,24	42,00	7,67	5,56	208,33
	Double	6	110,19	35,56	14,52	77,78	177,78
	Total	36	116,90	40,64	6,77	5,56	208,33

P. Poids **N.** Nombre d'individus

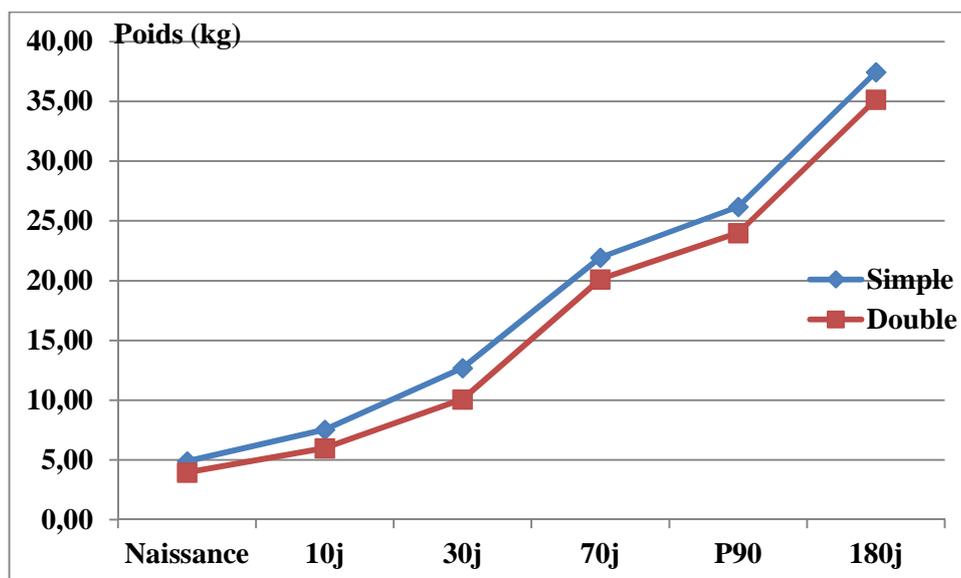


Figure 44. Evolution du poids moyen à âges type selon le mode de naissance

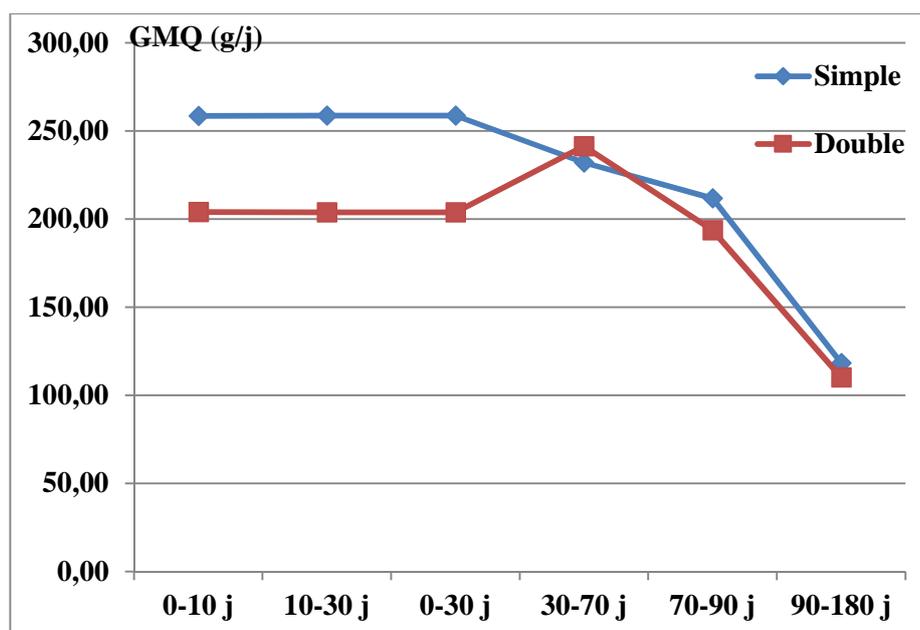


Figure 45. Evolution de la croissance moyenne selon le mode de naissance

Le **tableau 15** présente la matrice des corrélations utilisée pour évaluer la dépendance entre les différents caractères de croissance étudiés. Les fortes liaisons ont été observées entre les poids moyens à 10 j et le poids à la naissance ($r = 0,85$, $p < 0,01$), entre le poids à 30 j et le poids à 10 j ($r = 0,83$, $p < 0,01$) et entre le poids à 90 j et celui de 70 j ($r = 0,88$, $p < 0,01$). La corrélation positive et significative la plus élevée ($0,92$, $p < 0,01$) a été enregistrée entre P30j et GMQ 0-30j alors que la plus faible ($0,004$) a été trouvée entre P70j et GMQ 90-180j. Pour le

reste par contre, l'intensité de la relation linéaire entre eux est relativement faible. Ces résultats rejoignent ceux obtenus par **Boujenane et Mharchi (1992)** chez les agneaux de la race Beni Guil et **Boussena et al (2013)** chez les agneaux de la race Ouled Djellal. Les corrélations significatives et positives observées entre les caractères de croissance signifient que la sélection pour n'importe quelle performance se traduira par l'amélioration génétique des autres performances.

Toutefois, certains paramètres sont négativement corrélés, c'est-à-dire varient dans deux sens opposés et avec une intensité similaire, notamment entre le poids à 90j et la croissance (90–180j) et entre la croissance (90–180j) et celle (70–90j). Cette relation est donc décroissante.

CINQUIEME PARTIE : APTITUDES ZOOTECHNIQUES DE LA RACE TAZEGZAWT

Tableau 15. Corrélation entre les paramètres étudiés

	P naissance	P10j	P30j	P70j	P90j	P180j	GMQ (0-10j)	GMQ (10-30j)	GMQ (0-30j)	GMQ (30-70j)	GMQ (70-90j)	GMQ (90-180j)
P naissance	1											
P10j	0,857**	1										
P30j	0,762**	0,833**	1									
P70j	0,594**	0,677**	0,745**	1								
P90j	0,594**	0,698**	0,769**	0,887**	1							
P180j	0,493**	0,603**	0,629**	0,634**	0,706**	1						
GMQ (0-10j)	0,266	0,715**	0,522**	0,460**	0,496**	0,490**	1					
GMQ (10-30j)	0,430**	0,409**	0,846**	0,571**	0,591**	0,455**	0,171	1				
GMQ (0-30j)	0,472**	0,656**	0,928**	0,670**	0,701**	0,589**	0,589**	0,897**	1			
GMQ (30-70j)	0,149	0,183	0,083	0,727**	0,533**	0,333*	0,138	-0,03	0,034	1		
GMQ (70-90j)	0,233	0,311*	0,344*	0,149	0,589**	0,340*	0,257	0,265	0,329*	-0,131	1	
GMQ (90-180j)	0,074	0,179	0,081	0,004	-0,014	0,699**	0,231	-0,029	0,071	-0,079	-0,037	1

**La corrélation est significative au niveau 0,01

* La corrélation est significative au niveau 0,05

P. Poids **N.** Nombre d'individu

2.2. Caractéristiques de la laine du mouton Tazegzawt

Les résultats obtenus relatifs aux poids brut de la toison, le rendement au lavage de la laine, la longueur étirée et le diamètre de la fibre du mouton Tazegzawt sont consignés dans le **tableau 16**.

La laine est relativement dense, homogène et bien tassée, elle a des fibres très rapprochées les unes des autres (**Figure 46**), de longueur moyenne (8 - 9 cm) avec une pousse continue d'un peu moins de 1 cm par mois (0,8 - 0,9 cm) et peu jarreuse. La mesure obtenue est comparable à celle des races Ouled Djellal (8 cm ; **IANOR, 2007a**), Hamra (9,08 ; **Nouas, 1980**), Rembi (6,5 cm ; **Nouas, 1980**), Russe Romanov (5 - 8 cm ; **Desvignes et al., 1971**), Aranese Espagnol (6- 8 cm ; **Parés et al., 2011**), Mérinos espagnol (7cm ; **Esteban, 2003**), Mérinos de Grazalema (7,7 cm ; **Perezgrovas et al., 2011**), Merina (7 - 9 cm ; **Esteban et Tejon, 1980**) et légèrement longue par rapport aux races Rembi (6,5 cm ; **Nouas, 1980**), D'Men (6,80 ; **Arbouche, 1978**) et Mérinos de Rambouillet (6 - 7 cm ; **Anonyme, 2010**). Néanmoins, la mèche de laine Tazegzawt est moins longue que celle de la race Tâadmit (11,08 cm ; **Nouas, 1980**), de la race Uruguayenne Milchschaf (12,7 cm ; **Sienra et al., 2015**) et des brebis Socorro et Mérinos Espagnoles (15,2 cm ; **Perezgrovas et al., 2011**).



Figure 46. Laine du mouton de race Tazegzawt sur pied

La brebis Tazegzawt produit environ $2,51 \pm 0,85$ kg et $2,28 \pm 0,80$ kg de laine par an pour les années 2012 et 2013, respectivement, alors que le mâle produit $3,39 \pm 0,88$ kg et $3,60 \pm 0,25$ kg pour les mêmes années, respectivement (**Figure 47**). La quantité annuelle produite par cette race est comparable à celle de la race locale Rembi (2 à 2,5 kg et 3 à 3,5 kg pour la brebis et bélier, respectivement ; **IANOR, 2013**), de la race Tâadmit (2,43 kg ; **Nouas, 1980**), de la race Espagnol

Merina (2,5 kg ; **Esteban et Tejo, 1980**) et de la race Uruguayenne Milchscaf (3,25 kg ; **Sierra et al., 2015**)

Le poids moyen de la toison obtenu est important par rapport à celui de la race locale Ouled Djellal (1,9 Kg chez la brebis et de 2,5 chez le bélier ; **IANOR, 2007a**), de la race locale Hamra (2 Kg chez la brebis et de 2,5 chez le bélier ; **IANOR, 2007b**), de la race Marocaine Sardi (1,92 kg chez les brebis et de 2,89 kg chez les béliers ; **Chikhi et Boujenane, 2003**), de la race Lacaune (1,5 kg pour la brebis et 2,5 kg pour le bélier ; **Babo, 2000**), de la race D'Men (0,8 kg ; **Arbouche, 1978**) et chez certaines autres races locales marocaines (Béni Guil, Timahdite et Béni Ahsen qui sont en moyenne de 2 kg ; **Chikhi et Boujenane, 2003**).

Le rendement moyen de la laine au lavage dans cette étude varie entre 48,37 % et 53,33 % chez le mâle et entre 49,80 % et 53,94 % chez la femelle. Ce rendement est comparable à celui obtenu par **Arbouche (1978)** chez la race Ouled Djellal (53,2 %) et par **Nouas (1980)** chez la Taâdmit (54,8 %) et chez la Hamra (43 %). Le rendement obtenu est plus élevé que celui de la race Espagnol Merina (35 à 43 %, **Esteban et Tejo, 1980**) et nettement inférieur à celui de la race Uruguayenne Milchscaf (79,6 % ; **Sierra et al., 2015**). D'après **Craplet et Thibier (1984)**, une toison propre et de bonne qualité fournit 74 à 80 % de rendement au lavage. Par contre, une toison sale et de mauvaise qualité ne fournira que 25 à 30 %. En conséquence, le rendement obtenu est juste moyen.



Figure 47. Toison de Tazegzawt fraîchement tondu

La laine de la race Tazegzawt est normalement blanche après lavage et séchage due à l'absence de pigments mélaniques, mais peut comporter une faible proportion de fibres grises ou jaune (**Figure 48**).



Figure 48. Différentes couleurs de la laine après lavage du mouton Tazegzawt

Concernant la structure de la fibre de la laine Tazegzawt, nous avons observé que l'épaisseur des filaments est irrégulière associant généralement deux grands aspects (**Figures 49 et 50**):

Un aspect épais et creux dont le diamètre est d'environ : 53 μm

Un aspect plein plus fin dont le diamètre est de : 44 μm

Globalement, la finesse de fibre de laine du mouton Tazegzawt oscille entre 44 et 55 μm avec des moyennes de $47,47 \pm 3,87 \mu\text{m}$ et de $49,08 \pm 2,81 \mu\text{m}$ enregistrées en 2012 et 2013, respectivement (**Tableau 17**). La laine de Tazegzawt est moins fine que celle de la race Ouled Djellal (35,9 μm ; **Arbouche, 1978**), de la race Rambouillet (18 - 22 μm ; **Anonyme, 2010**), de la race Romanov (18 - 24 μm ; **Desvignes et al., 1971**), de la race Aranese Espagnol (29 μm ; **Parés et al., 2011**), de la race Uruguayenne Milchscaf (36 μm ; **Sienra et al., 2015**), du Mérinos espagnol (21 μm ; **Esteban, 2003**), du Mérinos Mexicaine de l'île Socorro (20 - 28 μm ; **Perezgrovas et al., 2011**) et de la race Merina (16 - 18 μm ; **Esteban et Tejo, 1980**).



Figure 49. Image microscopique optique d'un brin de laine à gros diamètre, d'aspect creux et alvéolé sans préparation (observée au grossissement x 400)



Figure 50. Image microscopique optique d'un brin de laine à fin diamètre, d'aspect plein sans préparation (observée au grossissement x 400)

Tableau 16. Caractéristiques de la laine du mouton Tazegzawt

Année	Sexe	Poids de la toison brut Moy. ± ET (kg)	Poids de la toison après lavage Moy. ± ET (kg)	Rendement (Perte au lavage) (%)	Longueur étirée de la fibre Moy. ± ET (cm)
2012	Mâle (n= 5)	3,39 ± 0,56	1,64 ± 0,32	48,37	8,8 ± 1,3
	Femelle (n= 12)	2,51 ± 0,85	1,25 ± 0,39	49,80	9,4 ± 1,6
2013	Mâle (n=6)	3,60 ± 0,25	1,92 ± 0,56	53,33	8,2 ± 1,00
	Femelle (n= 23)	2,28 ± 0,80	1,23 ± 0,54	53,94	9,1 ± 1,4

n. nombre d'individus ; **ET.** Ecart Type ; **Moy.** Moyenne

Tableau 17. Diamètre de la fibre Moy. ± ET (µm)

2012 (n = 15)	2013 (n = 25)
47,47 ± 3,87	49,08 ± 2,81

n. nombre d'individus ; **ET.** Ecart Type ; **Moy.** Moyenne

3. Les pathologies infectieuses dominantes chez la race Tazegzawt

3.1. Les pathologies de l'appareil urinaire et des voies génitales du bélier

Les mâles adultes de cette race sont souvent atteints d'une infection urinaire suivie d'une hernie scrotale et inguinale. Le signe clinique est généralement un scrotum élargi avec une sensation d'organes fuyant à la palpation, un œdème du scrotum est rapidement visible dans sa

portion distale (**Figure 51**). Les animaux malades montrent souvent une asthénie, ils nécessitent le plus souvent une intervention chirurgicale (herniorraphie) suivie d'un traitement post opératoire à base d'antibiotiques mais malheureusement ne réussit pas et finiront par un abattage d'urgence ou la mortalité (trois cas signalés dans notre cheptel expérimental).

Selon la littérature, Il existerait peut-être une origine génétique et/ou congénitale dans l'apparition d'hernie scrotale et inguinale chez les ovins (**Saperstein et Leipold, 1975 ; Roberts, 1988 ; Al Sobayil et Ahmed, 2007**).



Figure 51. Infection urinaire avec hernie scrotale et inguinale (Cas observé à la Station de Recherche INRAA Oued Ghir)

3.2. La mammite chez la brebis

La mammite est une inflammation de la glande mammaire. Elle est d'origine infectieuse, principalement bactérienne, virale ou fongique. Elle peut être aigue, subclinique et chronique. Son importance économique est liée au cas de mortalités rencontrés dans les mammites aigues. Selon les déclarations des enquêtés et nos observations chez le troupeau expérimental, la race Tazegzawt est sensible à la mammite (**Figure 52**). La brebis est atteinte de cette pathologie surtout après l'agnelage, selon **Calavas et al (1995)**, les agnelages multiples sont associés le plus souvent à un risque accru de mammites, elles rendent généralement la glande mammaire (ou un seul quartier de la mamelle) malade improductive.

Les signes cliniques remarquables chez le sujet malade sont : le gonflement de la mamelle, modification de l'aspect de lait (lait aqueux contenant des grumeaux), pis et trayon rouges et douloureux, hyperthermie, perte d'appétit et isolement. L'antibiothérapie par voie intra-mammaire s'avère le traitement le plus efficace pour ce genre de maladies.



Figure 52. Un pis atteint d'une mammite. Antibiothérapie intra-mammaire

4. Autres caractéristiques de la race

- Résistante au froid, sensible aux grandes chaleurs,
- Les brebis ont des agnelages faciles,
- Caractéristique du comportement maternel: Elles ont des instincts maternels très forts, bonne aptitude à élever deux à trois agneaux (**Figures 53a, 53b et 53c**). Ceci est important pour la survie du nouveau-né,
- Des instincts alimentaires intacts. En plus de l'herbe elles mangent aussi beaucoup d'arbustes ou feuilles d'arbres comme le frêne (comportement observé chez un éleveur enquêtés à Ait Ziki).



Figures 53a, 53b et 53c. Forte relation mère-jeune chez la race Tazegzawt

CONCLUSIONS DE LA CINQUIEME PARTIE

Au terme de cette étude, il ressort que :

1. Le Mouton Tazegzawt est une des races locales les plus prolifiques. Une étude approfondie est envisageable pour déterminer les facteurs influençant le taux de prolificité relativement élevé chez cette race (dynamique folliculaire, taux d'ovulation, survie embryonnaire, etc.). Aussi, avec les techniques de biologie moléculaire actuellement développées, nous pourrions identifier le gène responsable. Toutefois, l'évaluation des paramètres de reproduction avec un troupeau réduit demeure le facteur limitant dans cette étude.
2. La race Tazegzawt se caractérise globalement par une grande viabilité périnatale des agneaux. Le taux élevé suggère que les problèmes d'avortements, de mortinatalités ou de mortalités périnatales (entre la naissance et l'âge de 6 jours) sont minimes, voire négligeables.
3. La race Tazegzawt fait preuve d'un bon potentiel de croissance qui la situe parmi les races à viande par excellence. La bonne vitesse de croissance enregistrée entre la naissance et l'âge de 30 jours est un indice reflétant la valeur laitière de la brebis Tazegzawt. Elle a donc des potentialités très prometteuses qu'il est possible d'exploiter pour améliorer la production de viande en Algérie. Il est nécessaire de rappeler que les performances étudiées dans cette étude se rapportent aux données recueillies dans des conditions contrôlées d'élevage.
4. Le mouton Tazegzawt est caractérisé par un niveau de productivité annuel acceptable de laine mais il fournit une laine relativement épaisse et plus ou moins longue par rapport aux races spécialisées. Les fibres ont par conséquent une capacité de filage moins importante. Par ailleurs, ces résultats préliminaires doivent être poursuivis par un contrôle de performances spécifiques de laine.
5. La dite race est exposée à un certain nombre de maladies notamment, à la mammite et aux infections urinaires et génitales. Une étude profonde, en collaboration avec les vétérinaires et les généticiens, est en effet indispensable pour déterminer avec plus de précision les causes profondes et les incidences de ces maladies.

*CONCLUSION GENERALE ET
PERSPECTIVES*

CONCLUSION GENERALE ET PERSPECTIVES

Cette étude préliminaire sur la connaissance et la caractérisation de la race ovine locale « Tazegzawt », nous permet de conclure que ce mouton semble être typique de la montagne et de la vallée de la Soummam, parfaitement adapté aux conditions naturelles de la région. Ses caractéristiques morphologiques et zootechniques pourraient même faire de lui dans le futur une race très appréciée sur le plan écologique et socio-économique. La préservation de cette race locale pourrait représenter un potentiel de développement économique important pour leur région d'origine (la Kabylie) et assurer ainsi une subsistance et un revenu aux communautés rurales. En outre, elle contribue à l'enrichissement de la diversité du patrimoine génétique du cheptel ovin national. Elle devrait donc faire l'objet d'une attention particulière.

Néanmoins, les premiers résultats d'enquêtes de terrain ont mis en évidence l'existence d'un nombre restreint d'éleveurs potentiels de la race Tazegzawt dans son berceau d'origine. Cette race est élevée conjointement avec la race ovine blanche, omniprésente dans la région de la Kabylie, ce qui représente un facteur majeur de sa disparition ou, à défaut, du déclin de ces effectifs. Ainsi, il semble que cette forte diminution des effectifs a affecté le niveau de diversité génétique de la population.

Il s'avère aussi que cette race est menacée par l'absence de gestion des généalogies dans les troupeaux et par des croisements consanguins qui pourraient entraîner davantage de sa structure génétique vers l'homozygotie. Toutefois, introduire du nouveau sang dans les troupeaux serait une solution envisageable.

Les données générées de l'analyse morphologique ont permis de la différencier et de la séparer des autres races ovines locales algériennes, les résultats génomiques ont confirmé l'étude morphologique d'où la spécificité génétique de la race Tazegzawt. La caractérisation au niveau de la génétique moléculaire nous a permis aussi de déterminer objectivement les liens génétiques entre cette race et les autres races ovines locales.

Outre ces résultats particuliers, l'étude des caractéristiques de reproduction du mouton Tazegzawt a permis de révéler des taux élevés de prolificité, de fécondité et de viabilité périnatale des agneaux. La race Tazegzawt fait preuve, également, d'un bon potentiel de croissance qui la situe parmi les races à viande par excellence. Il faudra néanmoins confirmer les performances zootechniques enregistrées dans cette étude avec un effectif d'animaux plus élevé.

Les informations obtenues sur les caractéristiques phénotypiques, génétiques et zootechniques posent les premiers jalons du programme de conservation de cette race et maintenir, par conséquent, une diversité génétique maximale d'une façon durable. Ces mêmes informations pouvant servir une base de données inestimable pour sa standardisation.

La création de l'association professionnelle de la conservation et de la promotion de la race Tazegzawt demeure l'objectif de base à court terme pour la pérennisation des élevages, l'accroissement des effectifs et pour un éventuel usage futur.

Les résultats issus du présent travail nous inspirent quelques pistes de réflexion en termes de perspectives pour compléter notre étude et/ou pour contribuer à la mise en place du programme de conservation du mouton Tazegzawt. Ainsi, nous formulons les recommandations de recherche suivantes:

- Détermination de quelques indices corporels chez cette race ;
- Etude des caractéristiques du cycle œstral des femelles de race Tazegzawt en station pendant au moins une durée de 12 mois en vue de mieux connaître la saisonnalité de cette race;
- Détermination de la durée de l'anœstrus post-partum chez la brebis (déterminer l'apparition moyenne du premier cycle lutéale normale après la mise bas par le dosage hormonale) ;
- Etude de la précocité sexuelle des femelles et des mâles ;
- Etude des caractéristiques spermatiques des béliers et déterminer l'aptitude de leur semence à supporter les effets liés à la cryoconservation;
- Estimation de la production laitière et évaluation de la qualité du lait de la brebis;
- Etudier de la qualité de la viande;

- Les performances de reproduction et de production étudiées dans cette étude se rapportent aux données recueillies dans des conditions contrôlées d'élevage dans une station standardisée. Ce travail présente le risque de ne pas considérer l'interaction génotype x milieu. Ainsi, il est souhaitable d'évaluer également les performances zootechniques des ovins chez les éleveurs dans les conditions traditionnelles, mais aussi avec un effectif plus important.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Abdelguerfi A et Ramdane S. A., 2003. Evaluation des besoins en matière de renforcement des capacités nécessaires à la conservation et l'utilisation durable de la biodiversité importante pour l'agriculture. Bilans des expertises sur la biodiversité importante pour l'agriculture en Algérie, MAT-GEF/PNUD, projet ALG/97/G31., pp 231.

Ajmone-Marsan P., Valentini A., Cassandro M., Vecchiotti–Antaldi G., Bertoni G., et Kuiper M.T.R., 1997. AFLP markers for DNA finger printing in cattle. *Animal Genetics*. 28, 418– 426.

Alary V et Boutonnet J.P., 2006. L'élevage ovin dans l'économie des pays du Maghreb : un secteur en pleine évolution, *Sécheresse* 17(1-2), 40-46.

Analla, M., Montilla J.M., Serradilla, J.M., 1998. Analyses of lamb weight and ewe litter size in various lines of Spanish Merino sheep. *Small Ruminant Res.* 29: 255-259.

Andrés N. G, Virginia G, Elly A. N, Wanda I, Diego G, Ignacio A, Juan F. M, Gonzalo R, and Gabriel C., 2014. Genomic variation and population structure detected by single nucleotide polymorphism arrays in Corriedale, Merino and Creole sheep. *Genet Mol Biol.* 2014 Jun; 37(2): 389–395.

AnGR., 2003. Rapport national sur les Ressources Génétiques Animales : Algérie, 2003. Alger : ministère de l'Agriculture et de Développement rural. 46 p. <ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/010/a1250e/annexes/CountryReports/Algeria.pdf>

Anonyme, 2010. La race Mérinos de Rambouillet. 8ème Conférence Mondiale du Mérinos. 3 - 5 mai 2010. Rambouillet, France
<http://www.merinoscope2010.fr/>

Al-Atiyat R.M., Salameh N. M., Tabbaa M .J., 2014. Analysis of genetic diversity and differentiation of sheep populations in Jordan. Volume 17, Issue 4, 168–173.

Al Sobayil F.A and Ahmed A.F., 2007. Surgical treatment for different forms of hernias in sheep and goats, *J. Vet. Sci.*, 8, 185–191.

Álvarez I., Royo L.J., Fernández I., Gutiérrez J.P., Gómez E., Goyache F., 2004. Genetic relationships and admixture among sheep breeds from Northern Spain assessed using microsatellites. *J Anim Sci*; 8 2: 2246 – 52.

Arbouche F, 1978. La Race Ovine D'Man. I-Monographie de son élevage en zone saharienne. II-Analyse comparative de quelques paramètres zootechniques entre la race ovine D'Man et la race ovine Ouled Djellal. Mémoire d'ingénieur d'état en agronomie. INA El Harrach 74p.

Babo D., 2000. Races ovines et caprines françaises. Ed. France Agricole. 1ère édition, 302 p.

Baumung R., Simianer H et Hoffmann I., 2004. Genetic diversity studies in farm animals – a survey. *J. Anim. Breed. Genet.* 121, 361–373.

Baumung R., Cubric-Curik V., Schwend K., Achmann R., and Slkner J., 2006. Genetic characterisation and breed assignment in Austrian sheep breeds using microsatellite marker information. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 123: 265-271.

Bautista Salas A.M., 2009. Caractérisation agro-morphologique et moléculaire d'une collection de landraces péruviennes de pigeonpea (*Cajanus cajan* L. Millsp.) pour l'analyse de sa diversité. Ph.D Thesis, FUNDP, p. 245.

Bedhiaf S., Bouix J., Clément V., Bibé B., François D., 2000. Importance du choix du modèle d'analyse dans l'estimation des paramètres génétiques de la croissance des ovins à viande en Tunisie, *Renc. Rech. Ruminants* 7, 169-172.

Bedhiaf-Romdhani S., Djemali M et Bello A.A., 2008. Inventaire des différents écotypes de la race Barbarine en Tunisie. *AGRI*, 43: 41-47.

Bedhiaf-Romdhani S., Abidi S., Atti N., Ben Salem H., Ben Salem M., Lassoued N., Othmane M.H., 2013. Caractérisation et gestion des ruminants pour une meilleure productivité : Un demi-siècle de recherche scientifique à l'INRAT. *Annales de l'INRAT*, 86, Numéro Spécial Centenaire.

Benyoucef M.T., Boutebila S., Kaidi, R., Khellaf, D., Benaissa T., Benzidour A., et Zahaf A., 1995. Aspects organisationnels et techniques d'un programme d'étude génétique de la race ovine Hamra dans la région de l'ouest (Algérie). *Cahiers Options Méditerranéennes*, 11: 215-224.

<http://om.ciheam.org/om/pdf/c11/96605559.pdf>

Benyoucef M.T., Madani T., Abbas K., 1999. Systèmes d'élevage et objectifs de sélection chez les ovins en situation semi-aride algérienne. In : Gabiña D. (ed.). *Analysis and definition of the objectives in genetic improvement programmes in sheep and goats. An economic approach to increase their profitability*. Zaragoza : CIHEAM, 2000. p. 101-109. (Options Méditerranéennes : Série A. Séminaires Méditerranéens; n. 43). Meeting of the Sub-Network on Genetic Resources of the FAO-CIHEAM Inter-Regional Cooperative Research and Development Network on Sheep and Goats, 1999/11/18-20, Zaragoza (Spain).

<http://om.ciheam.org/om/pdf/a43/00600474.pdf>

Ben Sassi-Zaid Y., Maretto F., Charfi-Cheikrouha F., and Cassandro M., 2014. Genetic diversity, structure, and breed relationships in Tunisian sheep. *Small Ruminant Research* 119:52-56.

Ben Sassi-Zaidy Y., Maretto F., Charfi-Cheikhrouha F., Mohamed-Brahmi A and M. Cassandro., 2016. Contribution of microsatellites markers in the clarification of the origin, genetic risk factors, and implications for conservation of Tunisian native sheep breeds. *Genetics and Molecular Research* 15 (1).

<http://www.funpecrp.com.br/gmr/year2016/vol15-1/pdf/gmr7059.pdf>

Berber N., 2015. Constitution d'une biothèque d'ADN équin. Caractérisation génétique des races équines en Algérie par l'étude des microsatellites. Thèse Doctorat. Thèse de Doctorat, Université des Sciences et de Technologie d'Oran (USTO Mohamed Boudiaf). 143 pp.

Black W., 1993. PCR with arbitrary primers: approach with care. *Insect Molecular Biology*, 2, 1– 6.

Bretting P.K and Widrlechner M.P., 1995. Genetic markers and plant genetic resource management. *Plant Breed Rev* 13:11-86.

Brown W. M., George M. et Wilson A. C. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the national Academy of Sciences USA*, 76, 1967-1971.

Bruford M. W. et Wayne R. K., 1993. Microsatellites and their application to population genetic studies current opinion in *Genetics and Development* 3, 939–943. In Moazami – Gondarzi K. (1994).

Boichard D., Le Roy P., Levéziel H et Elsen J.M., 1998. Utilisation des marqueurs moléculaires en génétique animale. *INRA Prod. Anim.*, 11(1), 67-80.

Bostein D., White R.L., Skolnick M et Davis R., 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *American Journal of Human Genetics*. 32, 314-331.

Boubekour A., Benyoucef M.T., Lounassi M., Slimani A., 2011. Caractérisation morphologique de la race ovine D'man dans les oasis du Sud-ouest algérien. *In: 11èmes JISV, 30 Novembre et 1er Décembre 2013. ENSV d'Alger.*

Boubekour A., Benyoucef M.T., Lounassi M., Slimani A and Amiali M., 2015. Phenotypic characteristics of Algerian D'man sheepbreed in Adrar oases. *Livestock Research for Rural Development. Volume 27(7), Article 120.*
<http://www.lrrd.org/lrrd27/7/beny27120.htm>

Boujenane I et Kerfal M., 1990. Estimates of genetic and phenotypic parameters for growth traits of D'man lambs. *Anim. Prod.* 51: 173-178.

Boujenane I. et Mharchi A., 1992. Estimation des paramètres génétiques et phénotypiques des performances de croissance et de viabilité des agneaux de race Béni Guil. *Actes Inst. Agron. Vet.*, Vol. 12 (4), 15-22.

Boujenane I and Chami A., 1997. Effects of inbreeding on reproduction, weights, and survival of Sardi and Beni Guil sheep. *J. Anim. Breed. Genet.* 114: 23-31.

Boujenane I., M'zian S et Sadik M., 2001. Estimation des paramètres génétiques et phénotypiques de la croissance des ovins de race Sardi. *Actes Inst. Agron. Vet.* Vol. 21 (3) : 177-183.

Boujenane I., 2005. Comparaison des races Il-de-France de mérinos précoce en race pure et en croisement avec la race Boujaâd au Maroc. *Revue. Elev. Vét. Pays trop.*, 58(3) : 191-196.

Boujenane I et Kansari J., 2005. Productivité des brebis Timahdite et croisées D'man x Timahdite en station et chez les éleveurs au Maroc. *Revue Elev. Méd. vét. Pays trop.*, 58 (1-2) : 75-79.

- Boushaba N., 2007.** Contribution à la caractérisation génétique des races ovines algériennes, marocaines et françaises par l'utilisation du microsatellite OarFCB128 et étude de leurs relations phylogénétiques. Thèse Magister. Univ. Es-Senia – Oran. 72p
- Boussena S., Bouaziz O., Zerrougui S., Derqaoui L., Tainturier D. 2013.** Performances de croissance corporelle et testiculaire avant le sevrage chez les agneaux de race Ouled Djellal. *Revue Méd. Vét.*, 164, 4, 191-199.
- Boutonnet J.P., 2003.** Intensification de la production des petits ruminants : Pièges et promesses. FAO, Rome, Italie. <http://www.fao.org/wairdocs/ilri/x5520b/x5520b05.htm>
- Bowling A. T., Del Valle A., Bowling M., 2000.** A pedigree based study of mitochondrial D-loop DNA sequence variation among Arabian horses. *Anim. Genet.* 31, 1–7.
- Camps G., 1978.** Origine de la domestication en Afrique du Nord et au Sahara. In: *Revue française d'histoire d'outre-mer*, tome 65, n°240, 3e trimestre 1978. pp. 363-376.
http://www.persee.fr/web/revues/home/prescript/article/outre_03009513_1978_num_65_24_0_2132
- Camps G., 2001.** « Iheren », in24 / *Ida – Issamadanen*, Aix-en-Provence, Edisud. Vol. N°24, [En ligne].
<http://encyclopedieberbere.revues.org/1556>
- Cañon J., Alexandrino P., Bessa I., Carleos C., Carretero Y., Dunner S., Ferran N., Garcia D., Jordana J., Laloe D., Pererira A., Sanchez and K. Moazami Goudarzi., 2001.** Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. *Genet Sel Evol.* 33:311-332.
- Calavas D., Bugnard F., Sulpice P., Ducrot C., 1995.** Facteurs de risque des mammites cliniques des brebis allaitantes. *Renc. Rech. Ruminants*, 2, 303 – 306.
- Caspersson T., Zech L. et Johansson C., 1970.** Analysis of human metaphase chromosome set by aid of DNA binding fluorescent agents. *Exp.Cell Res.* 62: 490.
- Casu S., Boyazoglu J.G et Lauvergne J.J., 1970.** Hérité des pendeloques dans la race ovine Sarde. *Ann. Génét. Anima.*, 2 (3), 249-261.
www.gsejournal.org/content/pdf/1297-9686-2-3-249.pdf
- Ceballos G., Ehrlich P. R., Barnosky A.D., García A., Pringle R.M and Palmer T.M., 2015.** Accelerated modern human-induced species losses: Entering the sixth mass extinction. *Science Advances*. Vol. 1, N° 5
<http://advances.sciencemag.org/content/1/5/e1400253.full>
- Ceccobelli S., Di Lorenzo P., Panella F., Lasagna E and Sarti F. M., 2016.** Morphological and genetic characterisation of Pagliarola breed and its genetic relationships with other three indigenous Italian sheep breeds, *Italian Journal of Animal Science*, 15:1, 47-54.
- Chambers G. K. et MacAvoy E. S., 2000.** Microsatellites: consensus and controversy. *Comparative Biochemistry and Physiology, Part B*, 126, 455-476.
- Chellig R, 1992.** Les races ovines algériennes. Alger : Ed. O.P.U, 74p.

Chekkal F., Benguega Z., Meradi S., Berredjough D., Boudibi S., Lakhdari F., 2015. Guide de caractérisation phénotypique des races ovines de l'Algérie. Édition CRSTRA. 53p.

Chen Li-peng., Huang Yong-fu., Zhao Yong-ju., Guang-xin E., NA Ri-su., 2016. The Genetic Diversity of Six Chinese Sheep Breeds by Six Microsatellite Markers. [Biotechnology Bulletin, Vol. 32Issue \(5\):](#) 91-98.

Chikhi A et Boujenane I., 2003. Caractérisation zootechnique des ovins de race Sardi au Maroc. Revue Élev. Méd. vét. Pays trop., 56 (3-4) : 187-192.

Chikhi A et Boujenane I., 2004. Paramètres génétiques des performances de croissance des agneaux de race Boujaâd, 11^eRenc. Rech. Ruminants, 408.

Ciani E., Ciampolini R., D'Andrea M., Castellana E., Cecchi Incoronato C et al., 2013. Analysis of genetic variability within and among Italian sheep breeds reveals population stratification and suggests the presence of a phylogeographic gradient. *Small Ruminant Research* 112: 21-27.

inkulov M., Popovski Z., Porce K., Tanaskovski B., Hodži A., Bytyqi H., Mehmeti H., Margeta V., Djedovi R., Hoda A., Trailov R., Brka M., Markovi B., Važi B., Dalvit C., Sacca E., Cassandro M., Gervaso M., Pastore E and Piasentier E., 2008. Genetic Characterization of Alpine Sheep Breeds. *Acta agriculturae Slovenica*. 2:79–84.

CNRS., 2010. « La Biodiversité, comprendre pour mieux agir ». Edition les petits débrouillards. 80p.
http://www.lespetitsdebrouillards.org/Media/prods/prod_1/Media/livret.pdf

Craplet C. et Thibier M., 1984. Le mouton, Vigot (eds), Paris, 568p.

Danchin Burge C., 2002. Les races locales caprines : du délaissement au développement. **Centre de Ressources et de Documentation Caprine (CRDC)**. Institut de l'Elevage, 17 p.
http://www.crdc.fr/pdf/7489_danchin.pdf

Dalvit C., De Marchi M., Zanetti E and Cassandro M., 2009. Genetic variation and population structure of Italian native sheep breeds undergoing in situ conservation. *J. Anim. Sci* 87: 3837-3844.
<http://dx.doi.org/10.2527/jas.2008-1682>

Decuq F., Brunj P., Dubroeuq H., Theriez M., Micol D., 1997. Adaptation des techniques G.P.S. à l'étude de la localisation d'herbivores domestiques au pâturage. *Renc. Rech. Ruminants*, 4, 56.

Dekhili M et Aggoun A., 2013. Path coefficient analysis of body weight and biometric traits in Ouled-Djellal breed. (Algeria). *Revue Agriculture*. 06 (2013) 41 – 46. 41.

Délacrétaç-Wolff A.S., 1997. Etude génétique et sérologique des systèmes de groupes sanguins du mouton. Thèse de Doctorat. L'École Polytechnique Fédérale de Zurich.

Desvignes A., Cattin-Vidal P., Poly J., 1966. Comparaison de la valeur de divers types de croisement industriel pour la production d'agneaux de boucherie. i. - croissance pondérale des agneaux. *Annales de zootechnie, INRA/EDP Sciences*, 15 (1), pp.47-66.

Desbois A.C.M., 2008. Contribution à l'étude d'une race irlandaise : le mouton Galway, Thèse pour obtenir le grade de docteur vétérinaire diplôme d'état, Université Paul-Sabatier de Toulouse. 72p.

Desvignes A., Boutler N., Boya Jean D., Zuzine N., 1971. La race ovine Romanov. Ann. Zootech. INRA/EDP Sciences, 20 (3), pp.353-370.

Desta H., 2009. Estimation of weight and age of sheep and goats. Ethiopia Sheep and Goat Productivity Improvement Program (ESGPIP). Technical Bulletin N° 23, 14p.
<http://www.esgpip.org/pdf/Technical%20Bulletin%20No.23.pdf>

Diamond J., 1999. Guns, germs, and steel: The fate of human societies. W.W. Norton and company. New York.

Djaout A., Afri-bouzebda F., Bouzebda Z., Routel D., Benidir M., Belkhiri Y., 2015a Morphological characterization of the Rembi sheep population in the Tiaret area (West of Algeria). Indian Journal of Animal Sciences 85 (4): 386–391.
<http://epubs.icar.org.in/ejournal/index.php/IJAnS/article/view/47821>

Djaout A., Afri-Bouzebda F., Chekkal F., El Bouyahiaoui R., Rabhi A et Gaouar S.B.S., 2015b. Genetic Characterization of sheep breeds in Algeria. Proceedings of the 1st International Workshop « Management and Genetic Improvement of Animal Resources» MGIAR May 17th 18th 19th 2015. 78p.

Djaout A., Afri-Bouzebda F., Chekal F., Boubekour A., et Gaouar S.B.S., 2016. Biodiversité des races ovines Algériennes. 1er Séminaire International sur : Biodiversité et gestion des ressources naturelles « Passé, Présent et Futur ». ISAV. Souk Ahras. 19 – 21 Avril 2016.

Dutrillaux B et Lejeune J., 1971. Sur une nouvelle technique d'analyse du caryotype humain. C.R. Acad. Sci. (Paris), 272, 2638.

Dutrillaux B., 1973. Nouveau système de marquage chromosomique: les bandes T. Chromosoma, Berl. 41: 395-402.

Edgar R.C. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput Nucleic Acids Res. 32(5):1792-1797.

Eggen A., 2003. Les approches génomiques pour l'identification de gènes d'intérêt économique : outils, applications et perspectives. Renc. Rech. Ruminants, 10. 19-24.

El Amiri B., Druart X., Derqaoui L., 2010. Etablissement de schémas de synchronisation des chaleurs adaptés aux brebis Boujaâd sous différentes conditions d'élevage. 17 Renc. Rech. Rum., 17, 169.

El Fadili M., 2008. La race ovine Boudjaâd. Ses performances en race pure et en croisement. Bulletin Mensuel d'information et de liaison du PNTA. N° 160. 4p

El Fadili M., 2009. La race ovine Beni Guil. Ses performances en race pure et en croisement. Bulletin Mensuel d'information et de liaison du PNTA. N° 172. 4p

El Nahas S.M., Hassan A.A., Mossallam A.A.A., Mahfouz E.R., Bibars M.A., Oraby H.A.S., de Hondt H.A., 2008. Analysis of genetic variation in different sheep breeds using microsatellites. Afr. J. Biotechnol. 7(8):1060-1068.

Esquivelzeta C., Fina M., Bach R., Madruga C., Caja G., Casellas J., Piedrafita J., 2011. Morphologic analysis and subpopulation characterization of the Ripollesa sheep breed. Animal Genetic Resources Information 49:9-17.
<http://www.fao.org/docrep/014/ba0128t/ba0128t00.pdf>

Esteban C et Tejo D., 1980. *Catálogo de las Razas autóctonas españolas*. I. Especies ovina y caprina. Ed M.A.P.A., Madrid, 205p.

Esteban C., 2003. Razas ganaderas españolas ovinas. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. FEAGAS. Madrid, España.

Excoffier, L. and H.E. L. Lischer., 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.

Falque M., 2011. Evolution des méthodes de génotypage. "Le Sélectionneur Français", (62), 3 – 16.
<http://www.selectionneurs.asso.fr/bulletin/downloadintervention?id=49>

FAO., 1977. Utilisation en croisement des races méditerranéennes bovines et ovines. Rapport de la première consultation d'experts sur l'évaluation des races et des croisements. Production et santé animales, n°6, Rome 30 mars-1^{er} Avril 1977.

FAO., 1984. Animal genetic resource conservation by management, databanks and training. Animal Production and Health Paper , No. 44/1.

FAO., 1999. The global strategy for the management of animal genetic resources: executive brief. Rome.
<http://dad.fao.org/cgi-bin/getblob.cgi?sid=-1,50006152>

FAO., 2006. Livestock's long shadow – environmental issues and options, por H. Steinfeld, P. Gerber, T. Wassenaar, V. Castel, M. Rosales & C. de Haan. Roma.
http://www.virtualcentre.org/en/library/key_pub/longshad/a0701e/A0701E00.pdf

FAO., 2007a. Plan d'action mondial pour les ressources zoogénétiques *et la* déclaration d'interlaken. Conférence technique internationale sur les ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture. Interlaken, Suisse 3-7 septembre 2007
<http://www.fao.org/docrep/010/a1404f/a1404f00.htm>

FAO., 2007b. L'état des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde – en bref. Édité par Dafydd Pilling and Barbara Rischkowsky. Rome.

FAO., 2009. Préparation de stratégies et de plans d'action nationaux pour les ressources zoogénétiques. Directives FAO: Production et santé animales. Numéro 2. Rome
<http://www.fao.org/docrep/012/i0770f/i0770f00.htm>

FAO., 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. N°. 9. Rome.

FAO., 2012. Réalisation d'enquêtes et de suivi pour les ressources zoogénétiques. Directives FAO: Production et santé animales. N°. 7. Rome.

FAO., 2013. Caractérisation phénotypique des ressources génétiques animales. Directives FAO sur la production et la santé animales No. 11. Rome.
www.fao.org/docrep/019/i2686f/i2686f.pdf

FAOSTAT., 2013. <http://faostat.fao.org/>.

FAO., 2014. Characterization and value addition to local breeds and their products in the Near East and North Africa – Regional Workshop, Rabat, Morocco, 19-21 November 2012. Animal Production and Health Report No. 3. Rome.

FAO., 2015a. Les ressources génétiques et la biodiversité pour l'alimentation et l'agriculture : Un trésor pour l'avenir. Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture. FAO publications. Février 2015
<http://www.fao.org//resources/infographie/infographics-details/fr/c/178864/>

FAO., 2015b. Deuxième rapport sur l'état des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde *en bref*. Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO.
<http://www.fao.org/3/a-i5077f.pdf>

FAO., 2015c. Rapport de la Conférence de la FAO, trente-neuvième session. Rome, 6-13 juin 2015 (C 2015/II/PLENARY/REP)
<http://www.fao.org/3/a-mo153f.pdf>

Felsenstein J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39, 783-791.

Ferreira J.S.B., Caetano A.R., Paiva S.R., Silva E.C., Façanha D.A.E., McManus C.M and de Sousa M.A.N., 2014. Genetic diversity and population structure of different varieties of Morada Nova hair sheep from Brazil. *Genet. Mol. Res.* 13 (2): 2480-2490

Frayse J.L et Guitard J.P., 1992. « Produire de la viande ovine », éditions France Agricole, Paris, 220p.

Ford C.E., Pollock D.L., Gustavsson L., 1980. Proceedings of the First International Conference for the Standardization of Banded karyotypes of Domestic animals. University of Reading, Reading, England, 2nd-6th August 1976. *Hereditas*, 92, 145-162.

Fournier A., 2006. L'élevage des moutons. Editions Artémis, 45p

Foulley J.L et Ollivier L. 2006. Diversité génétique et richesse allélique : concepts et application à des races bovines. Renc. Rech. Rum. 13. 227-230.

Gaouar S., Auouissat M., Dhimi L., Routel A., Boushaba N., Kouar B et Saïdi-Mehtar N., 2005. Different types of sheep breeds in Algeria : further molecular characterization, 56th annual meeting of the European association for Animals Production, Upp Sala Sweden, 5-7 Juin 2005, 102p.

Gaouar S.B.S., 2009. Etude de la biodiversité : Analyse de la variabilité génétique des races ovines algériennes et de leurs relations phylogénétiques par l'utilisation des microsatellites. Thèse de Doctorat, Université des Sciences et de Technologie d'Oran (USTO). 510 pp

Gaouar S.B.S., Kdidi S., TabetAouel N., Aït-Yahia R., Boushaba N., Auouissat M. 2014. Genetic admixture of North-African ovine breeds as revealed by microsatellite loci Livestock Research for Rural Development 26 (7).
<http://www.lrrd.cipav.org.co/lrrd26/7/gaou26118.htm>

Gaouar S.B.S., Da Silva A., Ciani E., Kdidi S., Auouissat M., Dhimi L., Lafri M., Maftah A., Mehtar N., 2015a. Admixture and local breed marginalization threat en Algerian sheep diversity. Plos One, 10 (4). e0122667. doi:10.1371/ journal.pone.0122667.

Gaouar S. B. S., kdidi S., TabetAouel N., Aït-yahia R., Boushaba N., Auouissat M., Saïdi-mehtar N., 2015b. Investigation of genetic relation ships among hamra and béni-ighil sheep breeds based on microsatellite markers. *Wayamba Journal of Animal Science*.Vol. 7 pp. 1089-109.

Gaouar S.B.S., Kdidi S., Ouragh L., 2016. Estimating population structure and genetic diversity of five Moroccan sheep breeds by microsatellite markers. *Small Ruminant Research*. Vol. 144: 23-27.
<http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2016.07.021>

Gaouar S.B.S., Lafri M., Djaout A., El-Bouyahiaoui R., Bouri A., Bouchatal A., Maftah A., Ciani E and Da Silva A B ., 2017. Genome-wide analysis highlights genetic dilution in Algerian sheep. *Heredity*, 118, 293–301.

Ginette A., 2001. L'Algérie des premiers hommes, Paris, Maison de sciences de l'homme-Ibis Press. 221 p.

Glowatzki-Mullis M.L.,Muntwyler J., Bäumle E., Gaillard C., 2009. Genetic diversity of Swiss sheep breeds in the focus of conservation research. *J Anim Breed Genet* 126 (2):164-75.

Godard S.,Vaiman D., Oustry A., Nocart M., Bertaud M., Guzylack S., Mériaux J.C., Cribiu E.P., Guérin G., 1997. Characterization, genetic and physical mapping analysis of 36 horse plasmid and cosmid-derived microsatellites. *Mammalian Genome* 8:745-750.

Grigaliunait, I., Tapio M., Viinalass H., Grislis Z., Kantanen J., Miceikiene I., 2003. Microsatellite Variation in the Baltic Sheep Breeds. *Veterinarija Ir Zootechnika*. T. 21(43).

Grosclaude, F., Aupetit R. Y., Lefebvre J et Meriaux J. C., 1990. Essai d'analyse des relations génétiques entre les races bovines françaises à l'aide du polymorphisme biochimique. *Genetic Selection and Evolution*. 22: 317-338.

Groves C. P and Leslie D. M., Jr. 2011. Family Bovidae (Hollow-horned ruminants). Pp. 444–571 in *Handbook of the Mammals of the World, Vol. 2, Hoofed Mammals* (D. E. Wilson, and R. A. Mittermeier, eds.). Lynx Edicions, Barcelona, Spain. 886 pp.

Goudet J. 2005. HIERFSTAT, a package for R to compute and test hierarchical F-statistics. *Mol Ecol Notes* 5: 184–186.

Guang-XinE., Zhong Tao, Yue-HuiMa., Hui-JiangGao., Jian-NingHe., NanLiu., Yong-JuZhao., et al. 2016. "Conservation genetics in Chinese sheep: diversity of fourteen indigenous sheep (*Ovis aries*) using microsatellite markers." *Ecology and evolution* 6 (3): 810-817.

Guéguen P., Redon.S, Le Marécha C., 2015. Puces à ADN (microArrays) et séquençage de nouvelle génération. *Revue Francophone des Laboratoires*, N° 473, 63-70.

Hambli S., et Tazarat H., 2003. Caractérisation d'une race ovine (race bleue) dans la wilaya de Bejaïa. Mémoire de fin d'étude. Univ. Abderrahmane Mira. Bejaïa. 93p.

Hammami M., Hammami M., Rouissi H., Werghi H et Tarkhani I., 2014. Diagnostic et analyse de la situation de l'élevage ovin de race Noire de Thibar au nord de la Tunisie. *Livestock Research for Rural Development* 26 (10).

Harkat S., Laoun A., Benali R., Outayeb D., Ferrouk M., Maftah A., Da Silva A, Lafri M., 2015. Phenotypic characterization of the major sheep breed in Algeria. *Revue Méd. Vét.*, 166, 5-6, 138-147.

Harrison R. G., 1989. Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolution biology, *Trends in Ecology and Evolution*, 4, 6-11.

Hemmer H., 1990. Domestication. The decline of environmental appreciation. Cambridge University Press, Cambridge, 208 pp.

Herrera-Alarcón J., Villa Gómez Amezcua E., González-Padilla G., Jiménez-Severiano H. 2007. Stereological study of postnatal testicular development in Blackbelly sheep. *Theriogenology*, 68, 582-591.

Hiendleder S., Kaupe B., Wassmuth R andJanke 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. B*, 269 : 893–904.

Hill E. W., Bradley D. G., Al-Barody M., Ertugol O., Splan R.K., Zakharov I et Cunningham E. P., 2002. History and integrity of thoroughbred dam lines revealed in equine mtDNA variation. *Anim. Genet.* 33, 287–294.

Hoda A., Dobi P and Hyka G., 2009. Genetic diversity and distances of Albanian local sheep breeds using microsatellite markers. *Livestock Research for Rural Development* 21 (6) <http://www.lrrd.org/lrrd21/11/hoda21203.htm>

Hoda A and Ajmone Marsan P.A., 2012. Genetic, Characterization of Albanian Sheep Breeds by Microsatellite Markers, *Analysis of Genetic Variation in Animals*, Prof. Mahmut Caliskan (Ed.). pp. 3-27.
<http://www.intechopen.com/books/analysis-of-genetic-variation-in-animals/genetic-characterization-of-albanian-sheep-breeds-by-microsatellite-markers>

Hoshino A.A., Bravo J.P., Macedo N.P and Morelli K.A ., 2012. Microsatellites as tools for genetic diversity analysis. *Genet. Divers. Microorganisms* 6: 149-170.
<http://cdn.intechweb.org/pdfs/28891.pdf>

Huidobro F., y Jurado J.J., 1989. Producción de carne en el ovino Manchego en cruzamiento. *Invest. Agr., Ser. Prod. Anim;* 4 (1): 35-44.

IANOR., 2007a. Standard de la race ovine Ouled Djellal. PN.NA 15457. N° Ed. 02 ICS 65.120. 7p

IANOR., 2007b. Standard de la race ovine Hamra. PN.NA 15468. N° Ed. 02 ICS 65.120. 6p

IANOR., 2013. Standard de la race ovine Rembi. PN.NA. 15329. Ed. 01. ICS : 65.120. 4p

INCT, COMGEO., 2008. Fichier numérique du territoire national, Algérie.

Jannoune A., Boujenane I., Falaki, M., Derqaoui L., 2014. Effets de la consanguinité sur les performances de croissance et de viabilité des ovins des races Timahdite et Sardi. *Rev. Mar. Sci. Agron. Vét.* 2 (1):23-28.

Jay F., 2011. Méthodes bayésiennes en génétique des populations : relations entre structure génétique des populations et environnement. Thèse de doctorat de l'Université de Grenoble. 154p.

Jeffreys A.J., Wilson V et Thein SL., 1985. Hypervariable « Minisatellite » regions in human DNA. *Nature*, 314, 67-73.

Jores D'arces P., 1947. L'élevage en Algérie, amélioration et développement, Editions Guianchain, Alger, 93p.

Jurado J.J., Sanchez A., Alonso A., Alenda R., Carabaño M.J., 1986. Plan de selección de un rebaño de ganado merino en la dehesa de Castileras. Convinio de colaboración. Minas de Almadèn-INIA. Ed. Extension Agraria. M.A.P.A, Madrid

Karimi M.O., Shariati M.M., Zerehdaran S., Moradi M.H., Javadmanesh A., 2016. Study of Genetic Diversity of Sheep Breeds in Afghanistan Using SNP Markers. *Biosci., Biotech. Res. Asia*, Vol. 13(1), 573-581.

Karp A., Seberg O., Buiatti M., 1996. Molecular Techniques in the Assessment of Botanical Diversity. *Annals of Botany*. 78, 143–149.

Kavar T., Brem G., Habe F., Sölkner J et Dovc P., 2002. History of Lipizzan horse maternal lines as revealed by mtDNA analysis. *Genet. Sel. Evol*, 34, 635–648. In Aberle et al 2007.

Kdidi S., Calvo J.H., González-Calvo L., Ben Sassi M., Khorchani T., Yahyaoui M.H. 2015. Genetic relationship and admixture in four Tunisian sheep breeds revealed by microsatellite markers. *Small Ruminant Res.* 131, 64-69.

Kerfal M., Chikhi A et Boulanouair B., 2005. Performances de reproduction et de croissance de la race D'Man au Domaine Expérimental de l'INRA d'Errachidia au Maroc. *Rencontres de la Recherche sur les Ruminants*12: 206-207
http://www.journees3r.fr/IMG/pdf/2005_systemes_10_kerfal.pdf

Kevorkian S. E., Georgescu S. E., Adina M., Manea M. Z., and Hermenean A. O., 2010. Genetic diversity using microsatellite markers in four Romanian autochthonous sheep breeds. *Romanian Biotechnological Letters* 15: 5060.

Khaldi G., 1989. Barbarine sheep, in: *Small ruminant in the Near East*, volume III, North Africa FAO, Anim. Prod. Health. Paper 74, 96-135.

Khaldi Z., Haddad B., Souid S., Rouissi H, Ben Gara A., et Rekik B., 2011. Caractérisation Phénotypique de la Population Ovine du Sud Ouest de la Tunisie. *Animal Genetic Resources*, 49, 1–8.
<http://www.fao.org/docrep/014/ba0128t/ba0128t00.pdf>

Khelifi Y., 1999. Les productions ovines et caprines dans les zones steppiques algériennes. In: *Rubino R. (ed.), Morand-Fehr P. (ed.). Systems of sheep and goat production: Organization of husbandry and role of extension services.* Options Méditerranéennes : Série A. Séminaires Méditerranéens; n. 38. P, 245-247.

Kijas J.W., Lenstra J.A., Hayes B., Boitard S., Porto Neto L.R., San Cristobal M., et al., 2012. Genome-Wide Analysis of the World's Sheep Breeds Reveals High Levels of Historic Mixture and Strong Recent Selection. *PLoS Biol* 10(2): e1001258.
[doi:10.1371/journal.pbio.1001258](https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001258).

Klungland H., Vage D. I., Gomez-Raya L., Adalsteinsson S et Lien S., 1995. The role of melanocyte stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination. *Mammalian Genome*, 6, 636-639.

Kridli R. T., Abdullah A. Y., Shaker M. M., Al-Momani A. Q., 2006. Age at puberty and some biological parameters of Awassi and its first crosses with Charollais and Romanov rams. *Ital. J. Anim. Sci.*, 5, 193-202.

Kusza, S., Gyarmathy E., Dubravka J., Nagy I., Jávora A., Kukovics S., 2009. Study of genetic differences among Slovak Tsigai populations using microsatellite markers. *Czech J. Anim. Sci.*, 54(10): 468–474.

Kusza S., Dimov D., Nagy I., Bősz Z., Jávora A and Kukovics S., 2010. Microsatellite analysis to estimate genetic relationships among five bulgarian sheep breeds. *Genetics and Molecular Biology* 33, 1, 51-56.

Laaziz D.M., 2005. Small ruminant breeds of Algeria. In: Iniguez, L. (eds.). *Characterization of Small Ruminant Breeds in West Asia and North Africa. Vol 2: North Africa.* International Center for Agricultural Research in Dry Areas (ICARDA), Aleppo, Syria.

Lafri M., Ferrouk M., Harkat S., Routel A., Medkour Met Dasilva A., 2011. Caractérisation génétique des races ovines algériennes. *Options Méditerranéenne, A, N° 108.* 293-298.

Lagziel A., DeNise S., Hanotte O., Dhara S., Glazko V., Broadhead A., Davoli R., Russo V. et Soller M., 2000. Geographic and breed distribution of an Msp I PCR-RFLP in bovine growth.

Lamberson W.R and Thomas D.L., 1984. Effects of inbreeding in sheep: a review. *Anim. Breed. Abstr.* 52: 287-297.

Laoun A., Harkat S., Benali R., Yabrir B., Hakem A., Ranebi D., Maftah A., Madani T., Da Silva A., Lafri M., 2015. Caractérisation phénotypique de la race ovine Rembi d'Algérie. *Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux*, 68 (1) : 19-26.

Lauvergne J.J., 1988. Populations traditionnelles et premières races standardisées d'Ovicaprinæ dans le bassin méditerranéen, colloque Gontard/Manosque (France), 30 juin – 02 juillet 1986, coll. INRA n° 47, Paris, 298p.

Lee M.A., Keane O.M., Glass B.C., Manley T.R., Cullen N.G., Dodds K.G., McCulloch A.F., Morris C.A., Schreiber M., Warren J., Zadissa A., Wilson T et McEWAN J.C., 2006. Establishment of a pipeline to analyse non-synonymous SNPs in *Bos Taurus*. *BMC Genomics* 7, 298.

Lee T.H., Guo H., Wang X., Kim C., and Paterson A.H., 2014. SNPhylo: a pipeline to construct a phylogenetic tree from huge SNP data. *BMC Genomics*, 15(1).

Leroy G., 2008. Genetic diversity and breed management in dogs. Ph.D Thesis, AgroParisTech, p. 210.

MADR., 2006. Aperçu sur l'encadrement et adhérents des associations professionnelles du secteur agricole DSASI. 16p

MADR/DSASI., 2012. Statistiques Agricoles Série B. Ministère de l'Agriculture et du Développement rural / Direction des statistiques agricoles et des systèmes d'information, Alger, Algérie

MADR/DSASI., 2013. Statistiques Agricoles Série B. Ministère de l'Agriculture et du Développement rural / Direction des statistiques agricoles et des systèmes d'information, Alger, Algérie

MADR/DSASI., 2014. Statistiques Agricoles Série B. Ministère de l'Agriculture et du Développement rural / Direction des statistiques agricoles et des systèmes d'information, Alger, Algérie

MADRPM/DERD., 2005. La race prolifique ovine D'man. Productivité et voies de valorisation en dehors de l'oasis. *Bulletin mensuel d'information et de la liaison su PNTTA. Transfert de technologie en agriculture. N°130: Génétique ovine. 2005.*

Madani T., 1987. Contribution à la connaissance des races ovines Algériennes. Etude de la morphologie, caractères de reproduction et de la production. Thèse d'ingénieur, INA, Alger, 95p.

Mahouachi M., Rekik M., Lassoued N and Atti N., 2004. The effect of constant dietary energy supply during late gestation and early lactation on performances of prolific D'man ewes. *Animal Research* 53: 515–525
<http://animres.edpsciences.org/index.php?option=article&access=standard&Itemid=129&url=/articles/animres/pdf/2004/06/z203201.pdf>

Magdelaine C., 2015. La biodiversité : définition, bénéfices, menaces, Liste Rouge. <http://www.notreplanete.info/environnement/biodiversite/biodiversite.php>

Magneville D., 1959. Observation sur le mouton algérien, ses qualités et ses défauts, revue *Elevages et cultures*, n° 126, septembre, Paris, p.12-17.

Martínez, M.A., QuirozJ., Delgado J.V y Vega-Pla.J.L. 2007. Caracterización genética de la oveja canaria con microsatélites de ADN. *Arch. Zootec.* 55 (216): 421-424.

Mastranestasis I., Ekateriniadou L.V., Ligda Ch., Theodorou K., 2015. Genetic diversity and structure of the Lesvos sheep breed. *Small Rum Res.* Vol. 130, 54-59.

MATE/PNUD., 2014. 5ème rapport national sur la mise en œuvre de la convention sur la diversité biologique au niveau national. N°5. 128p

Matthey R., 1973. The chromosome formulae of eutherian mammals. In “*Cytotaxonomy and Vertebrate Evolution*” (A. B. Chiarelli and E. Capanna, eds.), pp. 531–616. *Academic Press*, New York.

Maudet C., 2001. Diversité et caractérisation génétique des races bovines et caprines originaires de la région Rhône–Alpes. Thèse Doctorat. Biologie, Labo. Bio. De Grenoble. 275–305.

Meradi S., Moustari A., Chekal F., Benguigua Z., Ziad M., Mansori F et Belhamra M., 2013. Situation de la population ovine "la race El hamra" en Algérie". *Journal Algérien des Régions Arides., N° Spécial, CRSTRA*, 28 -38.

Miller S.A., Dykes D.D., Polesky H.F. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research*. 16 (3), 1215.

Montaldo H. H. and Meza-Herrera C. A., 1998. Use of molecular markers and major genes in the genetic improvement livestock, *Electronic journal of Biotechnology*, 1, 1 – 7.

Moula N., Philippe F X., Luc D.D, Farnir F., Antoine-Moussiaux N et Leroy P., 2013. Caractérisation de la race ovine Tazegzawth en Algérie: description morpho-biométrique et détermination d'une formule barymétrique. 3rd Scientific Meeting of the Faculty of Veterinary Medicine, ULg, Belgium, October 2013.

<http://orbi.ulg.ac.be/bitstream/2268/158060/1/Tazegzawth-3Sday.pdf>

Mukesh M., Sodhi M., and Bhatia S., 2006. Microsatellite-based diversity analysis and genetic relationships of three Indian sheep breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 123: 258-264.

Nadler C.F., Korobitsina K.V., Hoffman R.S., Vorontsov N.N., 1973. Cytogenetic differentiation, geographic distribution, and domestication in Palearctic sheep (*Ovis*) *Z Säugetierkunde*; 38:109-125.

Nijman I.J., Otsen M., Verkaar E.L., Ruijter C., Hanekamp E., 2003. Hybridization of banteng (*Bos javanicus*) and zebu (*Bos indicus*) revealed by mitochondrial DNA, satellite DNA, AFLP and microsatellites. *Heredity*, 90, 10-16.

Nanekarani S., Amirinia C., Amirmozafari N., Torshizi R. V and Gharahdaghi A.A., 2010. Genetic variation among pelt sheep population using microsatellite markers. *African Journal of Biotechnology* 9: 7437-7445.

Nei M., 1977. F- Statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Ann. Hum. Genet.*, 41, 221-233.

Nei M, 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York. USA 70: 3321-3323.

Nouas F., 1980. Situation actuelle de la production lainière en Algérie. Possibilité d'amélioration. Thèse d'ingénieur, INA, Alger, 86p.

Loukovitis D., Siasiou A., Mitsopoulos I., Lymberopoulos A.G., Laga V., Chatzipli D., 2016. Genetic diversity of Greek sheep breeds and transhumant population utilizing microsatellite markers. *Small Ruminant Research* 136, 238-242.

Ocampo R., Cardona H., and Martínez R., 2016. Genetic diversity of Colombian sheep by microsatellite markers. *Chilean J. Agric. Res.* vol.76 no.1

<http://dx.doi.org/10.4067/S0718-58392016000100006>

Ochipinti G., Núñez L., Casal C., Samudio A., Castro L., Ramírez L., León D, Martínez A., Oka Obara A., Landi V., Delgado J.V., Martínez O.R., 2012. Diversidad genética en

ovejas de los humedades de la region oriental del paraguay. *Actas Ibero americanas de Conservación Animal*. AICA 2, 227-230.

Ollivier L., Chevalet C et Foulley J.L., 2000. Utilisation des marqueurs pour la caractérisation des ressources génétiques. *INRA Prod. Anim.*, numéro hors-série « Génétique moléculaire : principes et application aux populations animales », 247-252.

Ollivier L., 2013. Génétique et sélection des animaux. La sélection des animaux : des pratiques anciennes, des bases scientifiques qui s'affermissent, *Académie d'Agriculture de France*.15p

OllivierL et Foulley J.L, 2013. Mesure et évolution de la diversité génétique des plantes cultivées et des animaux domestiques. Indicateurs de diversité génétique animale. *Comptes Rendus de l'Académie d'Agriculture*, 99, (2), 31-41.

Pablo M., Landi V., Martínez A., Lara C., Delgado J.V. 2013. Caracterización genética de la oveja lojeña mediante marcadores microsatélites. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal*. AICA 3, 194-200.

Parés P.M., Jordana J., and Pérezgrovas R., 2011. Study of wool characteristics in the Aranese ovine breed. *Int. J. Morphol.*, 29(1):123-126.

Pellegrini P., 1999. De l'idée de race animale et de son évolution dans le milieu de l'élevage. *Association des ruralistes français*.5. *Ruralia* n° 1999-05, Varia.

Pérez Ripoll Manuel., 2001. El proceso de domesticación animal en el Próximo Oriente: planteamiento y evolución". *Archivo de Prehistoria Levantina*, Vol. 24. Valencia: Diputación de Valencia, págs. 65-96.

Perezgrovas R., Parés P.M., Hummel J., Zaragoza L y Delgado J.V., 2011. Características de la lana en las ovejas autóctonas ibicenca, merino, merino de grazalema (españa) y merino socorro (mexico). *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal* AICA 1, 380-383.

Pitel F et Riquet J., 2000. Les marqueurs anonymes et la détection de leur polymorphisme. *INRA Production Animale*, hors-série : 45-53.

Popescu P.C., 1989. Cytogénétique des mammifères d'élevage. *INRA Paris*. Editions Quae. 114 p.

Popescu P.C., 1990. Chromosomes of the cow and bull. In: *Domestic animal Cytogenetics* (ed. RA McFeely) Academic Press Inc., San Diego, p. 41-66.

Price E.O., 1984. Behavioral aspects of animal domestication. *Q. Rev. Biol.* 59, 1–32.

Pritchard J. K., Stephens M., and Donnelly P, 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945–959.

Purcell S. N. B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M., Bender D., Maller J., et al. 2007. PLINK: A Toolset for Whole-Genome Association and Population-Based linkage Analysis [Online]. Available online at: <http://pngu.mgh.harvard.edu/purcell/plink/>

Qwabe S.O., Van Marle-Köster E., Visser C., 2013. Genetic diversity and population structure of the endangered Namaqua Afrikaner sheep. *Trop. Anim. Health Prod.* 45(2): 511-516.

Randi, R., G. Fusco, R. Lorenzini, S. Toso et G. Tosi., 1991. Allozyme divergence and phylogenetic relationships among *Capra*, *Ovis* and *Rupicapra* (Artiodactyla, Bovidae). *Heredity.* 67 : 281-286.

Rao K. B., Bhat K. V. et Totey S. M., 1996. Detection of species – specific genetic markers in farm animal through random amplified polymorphic DNA (RAPD). *Genetic anal.* 13 (5), 135 – 138.

Ravimurugan T., Thiruvankadan A.K., Krovvidi Sudhakar., Elango A., Panneerselvam S., 2012. Breed characteristics of Pattanam sheep of Tamil Nadu, India. *Animal Genetic Resources*, 51, 99–104.

Reed C.A., 1984. The beginnings of animal domestication. In: *Evolution of Domesticated Animals* (ed. Mason IL), pp. 1-6. Longman, London, New York.

Rege J.E.O., 1992. Background to ILCA's animal genetic resources characterization project, objectives and agenda for the research planning workshop. Research planning workshop. International Livestock Centre for Africa. Addis Ababa, Ethiopia, 55–59.

Régnier C., Achaz G., Lambert A., Cowie R. H., Bouchet P and Fontaine B., 2015. Mass extinction in poorly known taxa. *10.1073/pnas.* Vol. 112 N° 25.

Rekik B., Ben Gara A., Rouissi H., Barka F., Grami A et Khaldi Z., 2008. Performances de croissance des agneaux de la race D'man dans les oasis Tunisiennes. *Livestock Research for Rural Development* 20 (10).
<http://www.lrrd.org/lrrd20/10/reki20162.htm>

Rezaei. H.R., 2007. Phylogénie moléculaire du Genre *Ovis* (Mouton et Mouflon), Implications pour la Conservation du Genre et pour l'Origine de l'Espèce Domestique. *Ecology, environment.* Université de Grenoble, 2007. pp 162.

Rincon G., D'Angelo M., Gagliardi R., Kelly L., Llambi S and Postiglioni A., 2000. Genomic polymorphism in Uruguayan Creole cattle using RAPD and microsatellite markers. *Res. Vet. Sci.*, 69: 171-174.

Roberts S.J., 1988. Scrotal hernia in rams. A case report, *Cornell Vet.*, 78, 351-352.

Rognon X et Verrier E., 2007. Caractérisation et gestion des ressources génétiques. Les outils et méthodes de la génétique pour la caractérisation, le suivi et la gestion de la variabilité génétique des populations animales. UMR INRA/AgroParisTech « Génétique et Diversité Animales », Rabat, 12-15 mars 2007.

Rondia P., 2006. Aperçu de l'élevage ovin en Afrique du Nord. Filière Ovine et Caprine n°18, octobre 2006.

Rubin C.J., Zody M.C., Eriksson J., Meadows J.R., Sherwood E., Webste, M.T., Jiang L., Ingman M., Sharpe T., Ka, S., 2010. Whole-genome resequencing reveals loci under selection during chicken domestication. *Nature* 464, 587-591.

Saitou and Nei, 1987. The Neighbor-Joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4, 406-425.

Sagne J., 1950. L'Algérie pastorale. Ses origines, sa formation, son passé, son présent, son avenir. Imprimerie Fontana, 27 p.

Sandenbergh L., Cloete S.W.P., Roodt-Wilding R., Snyman M.A., and Van der Merwe A.E., 2015. Genetic diversity and population structure of four South african sheep breeds. *Proc. Assoc. Advmt. Breed. Genet.* 21: 294-297.

Salamon D., Gutierrez-Gil B., Kostelic A., Gorjanc G., Kompan D., Dzidic A. 2012. Preliminary study on the genetic diversity of the Istrian sheep, Lika and Krk pramenka sheep populations using microsatellite markers, *Acta Agricultura e Slovenica Suppl.* 3, 125-129.

Salamon D., Gutierrez-Gil B., Simcic M., Kompan D., Dzidic A., 2015. Microsatellite based genetic structure of regional transboun dary Istrian sheep breed populations in Croatia and Slovenia. *Mljekarstvo* 65 (1), 39-47.

Saperstein G and Leipold H.W., 1975. Congenital defects of sheep, *J.A.V.M.A.*, 167, 314-322.

Scherrer B., 1984. Résultats des données. In *Biostatique*, Gaetan, Morin (eds). Louiseville : Canada ; 850 p.

Schliep K.P., 2011. Phangorn: phylogenetic analysis in R. *Bioinformatics*, 27:592–593. doi: 10.1093/bioinformatics/btq706.

SharmaR., KumarB., AroraR., AhlawatS., MishraA.K., TantiaM.S., 2016. Genetic diversity estimates point to immediate efforts for conserving the endangered Tibetan sheep of India. *Meta Gene*. Vol 8, 14–20.

Seabright M., 1971. A rapid banding technique for human chromosomes. *Lancet*; 2: 971-972.

Selvaggi M and Dario C., 2011. High mortality in Leccese inbred lambs. *Small Ruminant Res.* 99: 34-36.

Sienra I., Neimaur K., Robledo A., Infante G., Pereira C., 2015. Producción y características de la lana en ovejas Milchschaef productoras de leche. *Veterinaria (Montevideo)* Vol. 51 N° 198, 4-13.

Snoussi S., 2003. Situation de l'élevage ovin en Tunisie et rôle de la recherche. Réflexions sur le développement d'une approche système. Cahiers d'études et de recherches francophones/Agriculture, 12: 419-428.

SPSS Statistics for Windows.,2010.Version 19.0. Armonk, NY: IBM Corp.

Sumner A. T., Evans. H. J and Buckland. R. A., 1971. New technique for distinguishing between human chromosomes. *Nature New Biol.* 232: 31-32.

Szpiech Z.A., Jakobsson M., Rosenberg N.A., 2008. ADZE: a rarefaction approach for counting alleles private to combinations of populations. *Bioinformatics* 24: 2498-2504.

Tamura K., StecherG., PetersonD., Filipski A and KumarS., 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30: 2725-2729.

TEEB., 2010.L'Économie des écosystèmes et de la biodiversité : Intégration de l'Économie de la nature. Une synthèse de l'approche, des conclusions et des recommandations de la TEEB.46p.

<http://www.teebweb.org/>

Theriez M., Tissier M., Molenat G., Brelurut A., Brun J.P., Dacheux P., 1976. Productivité comparée de 2 troupeaux de brebis Limousines et Romanov X Limousine en conduite intensive. Fédération Européenne de Zootechnie, Zurich (Suisse), 23-26 août 1976.

Theriez M., 1991. L'augmentation de prolificité de la l'élevage sur des agneaux production et sur la de viande. *INRA Productions animales*, 4 (2), pp.161-168.

Theriez M., Brelururut A., Pailleux J.Y., Benoit M., Lienard G., Louault F et De Montard F X., 1997. « Extensification en élevage ovin viande par agrandissement des surfaces fourragères. Résultats zootechniques et économiques de 5 ans d'expérience dans le massif centrale nord » *INRA Prod-Anim*, 10, 141-152, 15p.

Thimonier J. 2000. Détermination de l'état physiologique des femelles par analyse des niveaux de progestérone. *INRA Prod. Anim.*, 13 (3), 177-183.

Thornton P.K., Boone R.B., Ramirez-Villegas J., 2015. Climate Change Impacts on Livestock. Working Paper N° 120. CGIAR Research Program on Climate Change, Agriculture and Food Security (CCAFS). 21p

Trommelen G.J.J.M., Vijg I., Uitterlinden A.G. and Den Daas I.H.G., 1993. DNA profiling of cattle using micro and minisatellite coreprobes. *Animal Genetics*. Vol. 24, Issue 4: 235-241.

Tjio J.H et Levan A., 1956. The chromosome number of man. *Hereditas*. 42: 1-6.

Trouette M., 1929. Les races d'Algérie. *Congrès du mouton*, Paris 9, 10,11 Dec 1929. 299-302.

Turries U., 1976. Les populations ovines algériennes In : Chaire de zootechnie et de pastoralisme, INA. El Harrach, Alger, 3 p.

Van Wyk J.B., Fair M.D., Cloete S.W.P., 2009. Case study: the effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. *Livest. Sci.* 120: 218-224.

Vawter L. et Brown W. M., 1986. Nuclear and mitochondrial DNA comparison reveal externe rate in the molecular clock, *Science*, 234, 194-196.

Vegara M., Olsaker I., Kantanen J. 2008. Genetic diversity and structure of the West Balkan pramenka sheep type sa revealed by microsatellite and mitochondrial DNA analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 125:417-426.

Verrier E., 1992. La gestion génétique des petites populations. INRA Productions animales, 1992, hs (hs), pp.265-271.

https://www6.inra.fr/productionsanimales/content/download/4625/44982/version/1/file/Prod_Anim_1992_hs_hs_40.pdf

Verrier E., Rognon X., 2000. Utilisation des marqueurs pour la gestion de la variabilité génétique des populations. INRA Productions Animales, numéro hors série « Génétique moléculaire : principes et application aux populations animales », 253-257.

Verrier E., Laloe D., de Rochambeau H., Rognon X., 2005. Les outils et méthodes de la génétique pour la caractérisation, le suivi et la gestion de la variabilité des populations animales. *Ethnozootechnie*, 67-82.

Vignal A., Milan D., SanCristobal M. et Eggen A., 2002. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics Selection Evolution.* 34, 275– 305.

Vigne J.D., Balasse M., Gourichon L., Helmer D., Lesur-Gebremariam J., Mashkour M., Tresset A., Vila E., 2011. Etat des connaissances archéozoologiques sur les débuts de l'élevage du mouton dans l'ancien monde. Le mouton, de la domestication à l'élevage, *Ethnozootechnie* 91, p.11-19.

Vos P., Hogers R., Bleeker M., Van De Lee T., Hornes M., Frijters A., Pot J., Peleman J., Kuiper M et Zabeau M., 1995. AFLP: a new technique for DNA finger printing. *Nucleic Acids Research* 23, 4407-4414.

Weber J. L and P. E. May., 1989. Abundant class of human DNA polymorphisms, which can be typed using the polymerase chain reaction. *American Journal of Human Genetics.* 44: 388-396.

Weber J.L and Wong C., 1993. Mutation of human short tandem repeats. *Human Molecular Genetics.* 2: 1123-1128.

Weiner G et Rouvier R., 2009. L'amélioration génétique animale. Editions Quae. 278p

Weir B.S and Cockerham C.C., 1984. Estimating *F*-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38: 1358-1370.

Wiener et Rouvier 2009. L'amélioration génétique animale. Edition Quae, CTA, 278p.

Williams J.G.K., Kublik A.R., Livak K.J., Rafalski J.A et Tingey S.V., 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids research.* 18, 6531-6535.

Wright S. 1978. Evolution and the Genetics of populations. Variability within and Among Natural Population. University of Chicago Press.

Wong, G.K.-S., Liu, B., Wang, J., Zhang, Y., Yang, X., Zhang, Z., Meng, Q., Zhou, J., Li, D., Zhang, J., 2004. A genetic variation map for chicken with 2.8 million single nucleotide polymorphisms. *Nature* 432, 717-722.

Wooster, Chuck., 2005. Living with Sheep: Everything You Need to Know to Raise Your Own Flock. Geoff Hansen (Photography). Guilford, Connecticut: The Lyons Press. Guilford, Connecticut. PP 96.

Yakubu A., 2013. Principal component analysis of the conformation traits of yankasa sheep. *Biotechnology in Animal Husbandry* 29 (1), 65-74.
<http://www.doiserbia.nb.rs/img/doi/1450-9156/2013/1450-91561301065Y.pdf>

Yang Y. H., Kim K.I., Cothran E.G et Flannery A. R., 2002. Genetic diversity of Cheju Horses (*Equus caballus*) determined by using mitochondrial DNA D-loop polymorphism. *Biochem Genet.* 40, 175–186.

Yilmaz O., Cemal ., Karaca O and Ata N., 2016. Molecular genetic characterization of Kivircik sheep breed raised in Western Anatolia. [Livestock Research for Rural Development 28 \(3\).](#)

Zahan M., Miclea V., Praica Miclea I., Ilisiu E., 2011. Analysis of Genetic Variation within Tsigai Population from Romania Using Microsatellite Markers. *Bulletin UASVM Animal Science and Biotechnologies*, 68(1-2).
https://www.researchgate.net/publication/266463043_Analysis_of_Genetic_Variation_within_Tsigai_Population_from_Romania_Using_Microsatellite_Markers

Zeder M.A., 2006. Central questions in the domestication of plants and animals. *Evolutionary Anthropology* 15, 105-117.

Zeder M.A., 2008. Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: Origins, diffusion, and impact. *Proceedings of the National Academy of Sciences.* vol. 105- N°33

Zheng X., Levine D., Shen J., Gogarten S. M., Laurie C., & Weir B. S., 2012. A high-performance computing toolset for relatedness and principal component analysis of SNP data. *Bioinformatics*, 28(24), 3326-3328.

ANNEXES

Annexe 1 : Questionnaire d'enquête

QUESTIONNAIRE D'ENQUETE

Enquête N° :
 Date d'enquête :
 Wilaya :
 Daïra :
 Commune :
 Village :
 Lieu :

Topographie : Montagne Vallée Plaine Altitude

IDENTIFICATION DE L'EXPLOITATION

Nom du propriétaire : Age : Formation :

Composition familiale :

Membres de la famille	Sexe/Ages/SF	Activités

TERRES AGRICOLES

SAU :
 Terres de pâturage :
 Autres :

MATERIELS AGRICOLES ET D'ELEVAGE

Types de matériels agricoles et d'élevage	Etat	Remarques

ACTIVITES AGRICOLES (cultures)

Types de cultures	Superficie	Destinations (autoconsommation, Vente, etc.)

ACTIVITES D'ELEVAGE

Bovin

	Races	taureaux	VL	Génisses	Taurillons	Velles	Veaux
Effectifs							

Caprin

	Races	Bouc	Chèvres	Chevrettes	Chevreaux
Effectifs					

Ovin

	Races	Béliers	Brebis	Antenaises	Agnelle	Agneaux
Effectifs						

Historique de l'élevage ovin de la race TAZEGZAWT :

.....

.....

.....

Critères de reconnaissance de la race TAZEGZAWT (mâle et femelle) :

.....

.....

Description de la bergerie (extérieur et intérieur) :

.....

Appréciation de l'état des animaux et de la bergerie :

.....

Aviculture Familiale Commerciale

	Nombre de Bâtiments	Capacité/Bâtiment
Chair		
Pente		

Cuniculture Familiale Commerciale

	Type et Nombre de Bâtiments	Capacité/Bâtiment
Effectifs		

Apiculture Familiale Commerciale

Types	Nombre de ruches	Produits des ruches	Destinations
Moderne			
Tradit.			

Autres Elevages :

CONDUITE DE L'ELEVAGE OVIN

Qui s'occupe de l'élevage ovin et quelles sont ses tâches ?

.....

Pratiquez-vous l'allotement des animaux / catégories / état physiologique oui non

Si oui, expliquez :

.....

ALIMENTATION

Fourrages Naturels

Types	Nature (sec ou vert)	Période /Saison	Quantité/jour/animal

Fourrages cultivés

Types	Nature (sec ou vert)	Période /Saison	Quantité/jour/animal

Aliments concentrés

Types	Achat/produit	Période /Saison	Quantité/jour/animal

Autres alimentation

Sources d'abreuvement de l'élevage ovin :

A volonté limité

REPRODUCTION

Conduite des mâles reproducteurs

Nombre de mâles :

Issus du troupeau

Achetés

Empreints

Autres

Age du mâle à la première saillie :

Faite vous des échanges de mâles entre éleveur ? oui non

Si oui, pourquoi

Pratiquez-vous de la sélection ? oui non

Si oui, comment

.....

Les mâles sont ils en permanence avec les brebis ? oui non

Si non, quelle est la période d'introduction et de retrait des mâles

Combien d'agnelage/brebis/an ?

.....

Nombre d'agneaux /agnelage un double triple quadruple

Avez-vous des explications d'agnelages double, triple et quadruple ? :

.....

Avez-vous des cas d'avortement ? oui non

Si oui, expliquez

Avez-vous des cas de difficulté d'agnelage ? oui non

Si oui, expliquez

Y'a-t-il des mortinatalité ? oui non

Si oui, quelles sont les raisons ? :

Y'a-t-il des mortalités des agneaux ? oui non

Si oui, à quel âge et quelles sont les raisons ? :

Conduite d'élevage des agneaux

Quel est l'âge du sevrage des agneaux ?.....

Quelle est la méthode de sevrage ?.....

Conduite d'alimentation des agneaux :.....

.....

Destination des agneaux et agnelles nés dans l'exploitation :

Renouvellement Vente Abattage Autres

PRODUCTIONS ET DESTINATION DES PRODUITS

Destination du lait de la brebis: Allaitement Autoconsommation Vente
Transformation

Estimation de la production de lait / Brebis / jour :
Estimation de la durée de lactation :

Destination de la laine : la famille la vente lieux de vente
Période de la tonte :
Quantité produite /tête/ animal/sexe :

Vente des animaux sur pied oui non

Si oui (type/catégorie/ âge/période/lieux /raisons) :

.....

HYGIENE ET PROPHYLAXIE

Appréciation sur l'état sanitaire de la bergerie Bon Moyen Mauvais

Appréciation sur l'état sanitaire des animaux Bon Moyen Mauvais

Est-ce qu'il existe un planning d'hygiène et de prophylaxie pour l'élevage ovin ?

.....

Y'a-t-il des problèmes de mammites ? oui non
Si oui à quel moment surviennent-elles ?
Comment vous traitez la maladie ?

Y'a-t-il d'autres problèmes de santé ? oui non
Si oui lesquelles ?

Avez-vous des visites régulières de vétérinaires oui non
Si oui, fréquences et raisons de visites

LES CONTRAINTES ET PERSPECTIVES DE L'ELEVAGE OVIN DE LA RACE TAZEGZAWT

Quelles sont vos difficultés pour l'élevage de la race TAZEGZAWT ?

.....

.....

.....

Avez-vous des propositions pour la promotion et le développement de la race ?

.....

.....

.....

Aimeriez-vous participer à la préservation de la race ovine TAZEGZAWT dans un cadre d'organisation associative ?

oui

non

ACTIVITES EXTRA AGRICOLES (Commerce, artisanat.....)

.....

.....

.....

.....

Annexe 2 : Fiche descriptive individuelle ovin**FICHE DESCRIPTIVE INDIVIDUELLE OVIN**

Fiche N° :

Nom de l'exploitation :

Wilaya :

Daïra :

Commune :

Village :

N° d'identification :

Sexe :

Age ou catégorie :

I. Caractères visibles**1.1. Aspect général :**

Corps : Ramassé Allongé Moyen

Encolure : Court Long Moyen

Membres : Courts Longs Moyen

1.2. Couleur de la robe :

Unicolore

Multicolore

La couleur dominante en cas de présence de pigmentation :

Endroits des taches pigmentaires sur le corps :

Chanfrein Pourtour des yeux Lobe des oreilles

Articulations Dessus du sabot Autres

1.3. Cornes :Absence Présence

Type de cornage en cas de présence :

Cornes enroulées en spirale Cornes droites **1.4. Le port de l'oreille :**Pendente Incliné vers l'avant Incliné vers l'arrière **1.5. Pampilles (pendeloques) :**Présence Absence **1.6. Laine :***Couverture du corps :*Couvre tout le corps jusqu'au genou et jarret Couvre le corps sauf *Texture de la toison :*Bien Tassée Tassé moyen Tassé faible Mèche longue Mèche moyenne Mèche courte *Jarre :*Présence Absence Poids de la toison sur adulte ⁽¹⁾

Mâle :.....(Kg)

Femelle :.....(Kg).

¹ : Après l'opération de tonte

1.7. Queue :

Fine Grasse Longue Courte

1.8. Profil du chanfrein :

Concave Convexe (busqué) Légèrement busqué

1.9. Couleur de la langue :

Non colorée Colorée

Précisez la couleur en cas de présence :

Autres caractéristiques particulières

visibles :

.....

.....

II. Mensurations corporelles

Critères morphologiques	Mesures
Hauteur au garrot (HG) (cm)	
Périmètre thoracique (PT) (cm)	
Longueur de la diagonale du corps (LDC) (cm)	
Hauteur à la croupe (HC) (cm)	
Hauteur au dos (HD) (cm)	
Tour du canon (TC) (cm)	
Longueur des oreilles (LO) (cm)	
Poids vif (PV) adulte (kg)	

Annexe 3 : Protocole d'extraction NaCl et préparation des solutions (Miller et al., 1988)**1-Extraction de l'ADN par la technique de NaCl :**

Les premières étapes de toute étude de biologie moléculaire nécessitent l'extraction d'ADN génomique. Cette extraction peut se faire à partir de tissus de différents organes, de la peau...

Cependant, le sang est le matériel biologique duquel l'ADN est le plus souvent extrait car il est plus simple à utiliser, à prélever...

1-1-Principe :

L'extraction d'ADN à partir du sang par la technique de NaCl nécessite d'abord une lyse des globules rouges par une solution hypotonique, suivie d'un choc thermique dans la glace (ceci permettra leur élimination). Ensuite, on procède à la lyse des lymphocytes afin que l'ADN soit libéré. Cet ADN sera ensuite traité par la protéase K qui le débarrassera de toutes les protéines qui lui sont liées. Enfin, l'ADN pur sera dissout dans un tampon adéquat.

1-2- Etapes de l'extraction de l'ADN

L'extraction de l'ADN au NaCl nécessite les étapes suivantes :

a) Lyse des globules rouges :

Dans un tube Falcon contenant 15ml de sang total, on ajuste avec le tampon TE10/10 (Tris/HCl 10mM, EDTA 10mM, pH =8) jusqu'à un volume final de 30 ml.

Après une délicate homogénéisation, le tube est mis dans la glace pendant 30mn (Ceci provoquera un choc thermique qui fragilisera les membranes des globules rouges. Ainsi, la solution hypotonique de TE provoquera l'éclatement de celles-ci) suivie d'une centrifugation à 2500 tours/mn pendant 15mn, le surnageant est éliminé et le culot obtenu est suspendu dans 30ml de TE. Pour une élimination maximale des globules rouges et une obtention d'un culot blanchâtre correspondant aux globules blancs, on procède à plusieurs lavages.

b) Lyse des globules blancs :

Au culot de lymphocytes obtenu, 1500µl de solution de lyse (SLB : Tris/HCl 10mM, EDTA 0.1M, SDS 0.5% , pH=8) sont ajoutés.

Le SDS (Sodium Dodécyl Sulfate) contenu dans cette solution a pour rôle de solubiliser les lipides des membranes plasmiques afin de déstructurer ces dernières, inhiber les nucléases et dénaturer les protéines.

Après resuspension de ce culot par une agitation rapide, 25 μ l de protéinase K à 20mg/ml sont ajoutés afin qu'elle digère toutes les protéines associées à l'ADN.

c) précipitation de l'ADN :

Une fois le tube retiré du bain-marie, 500 μ l de solution NaCl 5M sont ajoutés à celui-ci. Ce qui permettra une séparation de deux phases :

- Une phase contenant de l'ADN
- Une phase contenant les débris membranaires des globules blancs.

Ceci est dû essentiellement à la compétition entre les ions salins ajoutés et les autres solutés dissous par la solvataion des molécules. Ainsi beaucoup de protéines indésirables (PK+ Débris cellulaires) sont éliminées de la solution après avoir été entraînées vers le fond du tube. Le surnageant ainsi formé contient de l'ADN. C'est le phénomène de **Salting-Out (précipitation saline)**. Après une agitation vigoureuse suivie d'une centrifugation à 4000tours/mn pendant 15 mn (pour que les deux phases soient séparées), le surnageant résultant est transféré dans un autre tube en évitant de décoller le culot. Deux volumes d'éthanol absolu froid de celui du surnageant sont ajoutés dans le tube.

On remarque que dès l'ajout de l'éthanol, la solution devient blanchâtre et l'ADN commence à se précipiter (l'éthanol condense l'ADN).

Après une agitation douce, l'ADN se précipite sous forme de filaments qui se compactent rapidement en une masse blanchâtre visible à l'œil nu appelée : *méduse* qui sera ensuite récupérée dans un tube eppendorf stérile, puis lavée à l'éthanol froid à 70% et à 100% et séchée. La dissolution de la méduse se fait dans 200 à 500 μ l de tampon TE 10/1 (Tris/HCl : 10mM ; EDTA : 1mM ; pH=8.0) selon la taille de la méduse et à une agitation douce à température ambiante pendant au moins 24h pour avoir enfin un ADN complètement dissout prêt à être utilisé (dosage, PCR...).

PREPARATION DES SOLUTIONS :

Préparation de 1L de TE10/10 :

- 10ml tris-Hcl (1M, pH=8)
- 20ml EDTA (0.5M, pH=8)
- qsp eau distillée.

Préparation de 1L de TE10/1 :

- 10ml tris-Hcl (1M, pH=8)

- 2 ml EDTA (0.5M, pH=8)

-qsp eau distillée.

Préparation de la solution de lyse (100ml) :

-1ml tris-Hcl (1M, pH=8)

-20ml EDTA (0.5M, pH=8)

-5ml SDS (10%)

-qsp eau distillée.

Préparation de NaCl (5M) :

- Pour 5M : 292,25 g → 1000 ml eau distillée.

Préparation de EDTA (0,5 M ; pH=8) :

- Fait dissoudre 93,06g de EDTA dans 400ml d'eau distillée puis ajuste jusqu'au 500ml, et avec du NaOH (5M) règle le pH à 8

Préparation de TRIS Hcl (pH= 8) :

121,14 g pour 1L

Equilibrer avec Hcl pour pH = 8

Annexe 4 : Test ANOVA- Effet sexe

		ddl	Moyenne des carrés	F	Signification
PN	Inter-groupes	1	0,624	0,73	0,397
	Intra-groupes	50	0,855		
	Total	51			
P10	Inter-groupes	1	2,48	1,546	0,22
	Intra-groupes	47	1,604		
	Total	48			
P30	Inter-groupes	1	3,099	0,649	0,425
	Intra-groupes	47	4,779		
	Total	48			
P70	Inter-groupes	1	29,747	3,449	0,07
	Intra-groupes	44	8,624		
	Total	45			
P90	Inter-groupes	1	64,579	5,184	0,028
	Intra-groupes	44	12,457		
	Total	45			
P180	Inter-groupes	1	15,827	0,587	0,449
	Intra-groupes	34	26,968		
	Total	35			
GMQ (0-10)	Inter-groupes	1	3306,789	0,629	0,432
	Intra-groupes	47	5256,369		
	Total	48			
GMQ (10-30)	Inter-groupes	1	86,26	0,019	0,89
	Intra-groupes	47	4452,686		
	Total	48			
GMQ (0-30)	Inter-groupes	1	643,128	0,22	0,642
	Intra-groupes	47	2929,257		
	Total	48			
GMQ (30-70)	Inter-groupes	1	2960,738	1,165	0,286
	Intra-groupes	44	2540,416		
	Total	45			
GMQ (70-90)	Inter-groupes	1	16667,26	2,308	0,136
	Intra-groupes	44	7219,979		
	Total	45			
GMQ(90-180)	Inter-groupes	1	519,676	0,308	0,582
	Intra-groupes	34	1685,114		
	Total	35			

ddl : degré de liberté

Annexe 5 : Test ANOVA-Mode de naissance

		Somme des carrés	ddl	Moyenne des carrés	F	Signification
PN	Inter-groupes	7,191	1	7,191	9,931	0,003
	Intra-groupes	36,206	50	0,724		
	Total	43,397	51			
P10	Inter-groupes	18,713	1	18,713	14,871	0
	Intra-groupes	59,142	47	1,258		
	Total	77,855	48			
P30	Inter-groupes	55,166	1	55,166	15,028	0
	Intra-groupes	172,534	47	3,671		
	Total	227,7	48			
P70	Inter-groupes	21,884	1	21,884	2,486	0,122
	Intra-groupes	387,309	44	8,802		
	Total	409,193	45			
P90	Inter-groupes	31,415	1	31,415	2,378	0,13
	Intra-groupes	581,288	44	13,211		
	Total	612,702	45			
P180	Inter-groupes	26,45	1	26,45	0,992	0,326
	Intra-groupes	906,3	34	26,656		
	Total	932,75	35			
GMQ (0-10)	Inter-groupes	23718,687	1	23718,687	4,919	0,031
	Intra-groupes	226637,436	47	4822,073		
	Total	250356,122	48			
GMQ (10-30)	Inter-groupes	24048,478	1	24048,478	6,099	0,017
	Intra-groupes	185314,022	47	3942,852		
	Total	209362,5	48			
GMQ (0-30)	Inter-groupes	23938,511	1	23938,511	9,837	0,003
	Intra-	114379,6	47	2433,61		

ANNEXES

	groupes	81				
	Total	138318,1 92	48			
GMQ (30-70)	Inter-groupes	571,707	1	571,707	0,22	0,641
	Intra-groupes	114167,3 21	44	2594,712		
	Total	114739,0 29	45			
GMQ (70-90)	Inter-groupes	2147,483	1	2147,483	0,284	0,596
	Intra-groupes	332198,8 49	44	7549,974		
	Total	334346,3 32	45			
GMQ(90-180)	Inter-groupes	324,523	1	324,523	0,192	0,664
	Intra-groupes	57489,01 6	34	1690,853		
	Total	57813,53 9	35			

ddl : degré de liberté