

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 للفلاحة - الحراش - الجزائر

ÉCOLE NATIONALE SUPÉRIEURE AGRONOMIQUE EI-HARRACH-ALGER

## Thèse

Présentée pour l'obtention du Diplôme de Doctorat en  
Sciences agronomiques

Option : Sciences animales

### THÈME

**Étude de la diversité génétique des races ovines  
algériennes par des microsatellites**

Présentée par : AMEUR AMEUR Abdelkader

Soutenue le : 23/01/2018

Jury :

Président :	M. IKHLEF H.	Professeur (ENSA, Alger)
Directeur de thèse :	M. BENYOUCEF M.T.	Professeur (ENSA, Alger)
Co-directeur de thèse :	M. GAOUAR S.B.S.	Maître de Conférences A (Univ. Tlemcen)
Examinateur :	M. ARBOUCHE F.	Professeur (Univ. Ghardaïa)
Examinateur :	M. GHOZLANE F.	Professeur (ENSA, Alger)
Examinatrice	Mme. TABET AOUEL N.	Maître de Conférences A (Univ. d'Oran I)

Année universitaire : 2017-2018



## Remerciements

J'exprime mes vifs remerciements tout d'abord à Monsieur **BENYOUCEF Mohammed Tahar**, Professeur à l'ENSA d'Alger, mon directeur de thèse. Qu'il trouve ici ma profonde gratitude pour ses précieuses orientations, son soutien et sa disponibilité tout le long de la réalisation de cette thèse.

Mes vifs remerciements s'adressent aussi à Monsieur **GAOUAR Semir Bechir Suheil**, mon co-directeur de thèse, pour ses conseils, son aide et son soutien dans l'aboutissement de ce travail.

Je voudrais remercier très chaleureusement les membres de jury :

- Monsieur **IKHLIF Hacène**, Professeur à l'ENSA d'Alger, pour avoir accepté de présider le jury ;
- Monsieur **ARBOUCHE Fodil**, Professeur à l'Université de Ghardaïa pour avoir accepté d'examiner ce travail de thèse ;
- Monsieur **GHOZLANE Faissal**, Professeur à l'ENSA d'Alger pour avoir accepté d'examiner ce travail de thèse ;
- Madame **TABET AOUEL Nacéra**, Maitre conférence A à l'Université Ahmed Ben Bella Oran 1 pour avoir accepté d'examiner ce travail de thèse.

Je tiens à exprimer toute ma reconnaissance à l'équipe du laboratoire d'analyse génétique et moléculaire (AgBioCenter, Université ADNAN MENDERES, Aydin, Turquie) pour m'avoir permis de réaliser mon stage et les analyses moléculaires. Il s'agit notamment de :

- Monsieur **Ibrahim CEMAL**, Professeur dans l'université d'ADNAN MENDERES, Aydin Turquie pour l'intérêt qu'il a porté à ce travail de thèse, ses conseils et l'organisation de mon stage ;
- Monsieur **Onur YILMEZ**, pour l'aide apportée à l'utilisation de certains logiciels de génétique des populations ;
- Monsieur Professeur **Zeynel DALKILIÇ**, Directeur du centre AgBioCenter pour l'accueil et son soutien logistique pour le génotypage d'échantillons d'ADN ;
- Monsieur **Nezih ATA**, pour m'avoir accordé du temps et accompagné dans la pratique de la technique de génotypage par séquenceur automatique.

Enfin, je remercie tous ceux et celles qui m'ont apporté de l'aide de près ou de loin durant la réalisation de ce travail de thèse.

## Dédicaces

- **À mes chers parents :** Pour leur soutien moral et affectif et pour leur sacrifice.
- **À mes chers frères et sœurs :** Merci de former une famille unie et aimante et pour leur soutien et leurs encouragements fraternels.
- **À tous mes amis :** Merci pour les bons moments passés en toute amitié, votre présence, vos bons conseils et la joie partagée.

## Résumé

L'élevage ovin occupe une place importante dans l'histoire et l'économie de l'Algérie, cette importance réside dans la richesse de ses ressources génétiques. La caractérisation des ressources génétiques animales est une condition indispensable à leur bonne gestion. À cet effet, plusieurs indicateurs de diversité génétique sont couramment utilisés pour révéler la structure et relation phylogénétique entre les populations. Afin d'apporter des outils efficaces à la gestion des races ovines locales algériennes, nous avons réalisé une étude de la diversité génétique par l'utilisation d'un panel de quinze marqueurs microsatellites pour génotyper 296 animaux appartenant à 12 races ovines locales (41 Ouled Djellal, 43 Rembi, 30 Hamra, 25 Berbère, 21 Barbarine, 30 Sidaoun, 19 D'men, 30 Taâdmit, 30 Tazegzawt, 11 Ifilène, 13 Srandi, 10 Dâraa) élevées dans différentes régions de l'Algérie.

Les résultats obtenus ont montré que tous les marqueurs microsatellites utilisés étaient fortement polymorphes avec un nombre d'allèles par locus variant de 19 pour le marqueur INRA0123 à 34 pour le marqueur OARJMP29, ainsi ils sont très informatifs avec une valeur moyenne de PIC=89% (>50 %). Une forte diversité génétique a été observée avec des valeurs d'hétérozygoties variant de 0,75 chez la race Dâraa à 0,84 chez la race Hamra, mais demeurent faibles par rapport à celles des hétérozygoties attendues. Les populations ovines étudiées ne sont donc pas en équilibre de Hardy Weinberg et présentent un déficit global en hétérozygotie sauf les deux races (Ifilène et Dâraa). La différenciation génétique entre les races ovines étudiées est faible ( $F_{ST}=0,044$ ). Par conséquent, la diversité globale est due principalement à la diversité individuelle et pas raciale. Les analyses de structuration (AFC, approche bayésienne de groupement) donnent des informations plus précises sur les relations entre les différentes races, et montrent une proximité génétique entre les races du nord et celles du sud sauf pour les deux races (Tazegzawt et Ifilène) qui ont été regroupées hors leurs positions géographiques.

En conclusion, les données et les informations apportées par cette étude représentent une base de référence, afin de préserver la variabilité génétique de nos races ovines et d'améliorer les méthodes de gestion de l'élevage ovin en Algérie.

**Mots clés :** Algérie ; races ovines ; marqueurs microsatellites ; diversité génétique

## Abstract

Sheep farming occupies an important place in the history and economy of Algeria, this importance lies in the richness of its genetic resources. The characterization of animal genetic resources is a prerequisite for their proper management. To this end, several indicators of genetic diversity are commonly used to reveal the structure and phylogenetic relationship between populations. In order to provide an effective tools for the management of local Algerian sheep breeds, we carried out a study of genetic diversity by using a panel of fifteen microsatellites markers to genotype 296 animals belonging to 12 local sheep breeds (41 Ouled Djellal, 43 Rembi, 30 Hamra, 25 Berber, 21 Barbarine, 30 Sidaoun, 19 D'men, 30 Taâdmit, 30 Tazegzawt, 11 Ifilène, 13 Srandi, 10 Dâraa) raised in different regions of Algeria.

The results obtained showed that all the microsatellite markers used were highly polymorphic with a number of alleles per locus varying from 19 for the marker INRA0123 to 34 for the marker OARJMP29, also they are very informative with an average value of PIC = 89% (> 50%). High genetic diversity was observed with values of heterozygosities ranging from 0.75 in the Dâraa breed to 0.84 in the Hamra breed, but remain low compared to those expected heterozygosities. The sheep populations studied are therefore not in Hardy Weinberg equilibrium and show an overall deficit in heterozygotes except the two breeds (Ifilène and Dâraa). The genetic differentiation between the sheep breeds studied is low ( $F_{ST} = 0.044$ ), for that reason, overall diversity is due mainly to individual and not racial diversity. The structuring analyzes (AFC, Bayesian grouping approach) give more precise information on the relations between the different breeds, and show a genetic proximity between the breeds of the north and those of the south except for the two breeds (Tazegzawt and Ifilène) which have been grouped outside their geographical positions.

In conclusion, the data and information provided by this study represent a baseline, in order to preserve the genetic variability of our sheep breeds and to improve the management methods of sheep farming in Algeria.

**Keywords:** Algeria; Sheep breeds; Microsatellite markers; Genetic diversity

## المخلص

تحتل تربية الأغنام مكانة هامة في تاريخ الجزائر واقتصادها، وهذه الأهمية تكمن في ثراء مواردها الجينية. إن توصيف الموارد الوراثية الحيوانية شرط أساسي لإدارتها على نحو سليم. وتحقيقاً لهذه الغاية، تستخدم عدة مؤشرات للتنوع الجيني عادة للكشف عن البنية والعلاقة النشوء بين السلالات. ومن أجل توفير أدوات فعالة لإدارة سلالات الأغنام المحلية الجزائرية، أجرينا دراسة للتنوع الوراثي من خلال استخدام مجموعة من خمسة عشر من الواسمات الوراثية (الميكروساتيليت) ، أجري تمييط جيني ل 296 الحيوانات التي تنتمي إلى 12 سلالات الأغنام المحلية (41 أولاد جلال، 43 رانبي، 30 الحمراء، 25 البربر، 21 البربرين، 30 سيداون، 19 دمان، 30 تعاضيت، 30 تزاكراوت، 11 افلان، 13 صراندي، 10 الضرعة ) التي تعيش جميعها في مناطق مختلفة من الجزائر.

وأظهرت النتائج جميع الواسمات الوراثية المستخدمة كانت متعددة الأشكال للغاية مع عدد من الأليلات تفيموضعت تراوحاً بين 19 بالنسبة إلى الواسم ( INRA0123) و 34 بالنسبة إلى الواسم (OARJMP29) وأنها أيضاً تحتوي على معلومات مفيدة للغاية مع متوسط قيمة  $PIC = 0.89$  ( $> 0.50$ ). ولوحظ وجود تنوع وراثي كبير من القيمتغاير تخالف الاقتران (هيتيروزيغوتية) تتراوح بين 0.75-0.84 بالنسبة للسلالات في الضرعة والحمراء على التوالي، ولكن لا تزال المنخفضة مقارنة مع تلك المتوقعة. لذا مجموع الأغنام المدروسة لا تتبع التوازن لهاردنباوينبرغ (HW)، ولذلك فقد سجلنا نقص في التنوع العام للزيجوت باستثناء كل من السلالتين افيلان و الضرعة.

التميز الجيني بين سلالات الأغنام الجزائرية منخفض نوعاً ما ( $F_{st} = 0.044$ ). ولذلك فإن التنوع العام للسلالات يرجع أساساً إلى التنوع ما بين الأفراد وليس إلى التنوع ما بين السلالات. التحليلات الهيكلية مثل AFC والنظرية الافتراضية (clustering) لقد أعطت معلومات أكثر دقة حول العلاقة بين السلالات الأغنام المحلية، وتظهر القرب الجيني بين السلالات الشمالية والجنوبية باستثناء السلالتين (تزاكراوت و افيلان) التي انفصلت خارج نطاقها الجغرافي. وفي الختام، فإن البيانات والمعلومات التي تقدمها هذه الدراسة تمثل أساساً جلياً لحفاظ على التنوع الجيني للسلالات الأغنام لدينا، وتحسين أساليب إدارة تربية الأغنام في الجزائر.

الكلمات الرئيسية: الجزائر؛ سلالات الأغنام؛ علامات ميكروساتيليت؛ التنوع الوراثي

## Production scientifique

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

- **Publications internationales**

1. **Ameur Ameur A, Ata N, Benyoucef MT, Djaout A, Azzi N, Yilmaz O, Cemal I, Gaouar SBS 2017.** New genetic identification and characterization of 12 Algerian sheep breeds by microsatellite markers. Italian Journal of Animal Science. <http://dx.doi.org/10.1080/1828051X.2017.1335182>
2. **Ameur Ameur A, Benyoucef MT, Amrani L, Gaouar SBS 2016.** Milk protein polymorphism study in the Algerian sheep breed Hamra. Volume IABC (22). Published January, 31, 1360-1365

- **Communications internationales**

1. **Ameur Ameur A, Benyoucef MT, Gaouar SBS 2014.** Effet de la race sur la qualité physicochimique et le profil protéique du lait d'ovin 7ème Séminaire international de Médecine vétérinaire, Constantine
2. **Ameur Ameur A, Benyoucef MT, Gaouar SBS 2015.** Preliminary Study on Milk Composition and Milk Protein Polymorphism in the Algerian Local Sheep's Breeds, ICADS 2015: 17th International Conference on Animal and Dairy Sciences
3. **Ameur Ameur A, Chougrani F, Halbouche M, Benyoucef MT 2015.** A comparative study of composition and major milk protein polymorphism in two Algerian sheep breeds Hamra and Ouled Djellal. IIème Congrès international de Biotechnologie et Valorisation des Bio-Ressources (BVBR)
4. **Ameur Ameur A, Benyoucef MT, Gaouar SBS 2015.** Etude de la diversité des races ovine algériennes International workshop on Management and Genetic Improvement of Animal Resources « MGIAR1 »
5. **Ameur Ameur A, Benyoucef MT, Djaout A, Gaouar SBS 2016.** Étude moléculaire par l'utilisation des microsatellites des races ovines locales algériennes, présentation d'un projet sur les races ovines algériennes " Université ADNAN MENDERES, AYDIN, Turquie



# Table des matières

<b>LISTE DES FIGURES</b> .....	<b>I</b>
<b>LISTE DES TABLEAUX</b> .....	<b>III</b>
<b>LISTE DES PHOTOS</b> .....	<b>IV</b>
<b>LISTE DES ANNEXES</b> .....	<b>V</b>
<b>LISTE DES ABRÉVIATIONS</b> .....	<b>VI</b>
<b>CHAPITRE I : RAPPELS SUR LA BIODIVERSITE</b> .....	<b>6</b>
1. NOTIONS GENERALES .....	6
2. BIODIVERSITE .....	6
3. DIVERSITE GENETIQUE .....	7
4. PROCESSUS EVOLUTIFS AFFECTANT LA VARIABILITE GENETIQUE DES POPULATIONS .....	7
4.1 <i>Dérive génétique</i> .....	7
4.2 <i>Sélection</i> .....	8
4.3 <i>Migration et mutation</i> .....	9
5. RESSOURCES GENETIQUES ANIMALES ET NOTIONS D'ESPECE, POPULATION ET RACE .....	12
6. CLASSIFICATION DES POPULATIONS ANIMALES DOMESTIQUES .....	14
<b>CHAPITRE II : APPROCHES DE CARACTERISATION DES RESSOURCES GENETIQUES ANIMALES</b> .....	<b>15</b>
1. ENQUETES SUR LE TERRAIN ET ECHANTILLONNAGE.....	15
2. DIFFERENTES APPROCHES DE CARACTERISATION DE LA VARIABILITE GENETIQUE .....	16
2.1 <i>Approche morphologique</i> .....	16
2.2 <i>Approches biochimiques et moléculaires</i> .....	17
2.2.1 Marqueurs biochimiques .....	17
2.2.2 Marqueurs moléculaires .....	18
a. ADN mitochondrial.....	18
b. Marqueurs RFLP .....	19
c. Marqueurs RAPD .....	19
d. Marqueurs AFLP .....	19
e. Marqueurs minisatellites .....	20
f. Marqueurs microsatellites .....	20
g. Marqueurs SNP .....	24
<b>CHAPITRE III : APPROCHES DE GESTION ET DE CONSERVATION DES RESSOURCES GENETIQUES</b> .....	<b>26</b>
1. APPROCHES DE GESTION SIMPLES .....	26
2. APPORT POTENTIEL DES MARQUEURS .....	26
3. APPROCHES DE CONSERVATION .....	27
4. PROGRAMMES DE CONSERVATION DES RESSOURCES GENETIQUES ANIMALES .....	28
<b>CHAPITRE IV : GENERALITE SUR L'ORIGINE DE L'ESPECE OVINE</b> .....	<b>30</b>
1. POSITION PHYLOGENIQUE .....	30
2. ORIGINES DU MOUTON DOMESTIQUE ACTUEL .....	31
3. DOMESTICATION .....	32
4. ANALYSE DU GENOME DU MOUTON DOMESTIQUE.....	34
<b>CHAPITRE V : APERÇU SUR LES RACES OVINES LOCALES ALGERIENNES</b> ..	<b>38</b>

1.	CHEPTEL OVIN ALGERIEN .....	38
2.	CLASSIFICATION ET LISTE DES RACES OVINES ALGERIENNES : .....	38
2.1	<i>Race Ouled Djellal et ses variétés</i> .....	39
2.2	<i>Race Hamra(Deghma)et ses variétés</i> .....	42
2.3	<i>Race Rembi :</i> .....	44
.....		<b>46</b>
2.4	<i>Race Taâdmit</i> .....	46
2.5	<i>Race D'men et ses variétés</i> .....	47
.....		<b>49</b>
2.6	<i>Race Sidaoun</i> .....	50
.....		<b>51</b>
2.7	<i>Race Ifilène et ses variétés</i> .....	51
2.8	<i>Race Berbère</i> .....	52
2.9	<i>Race Barbarine et ses variétés</i> .....	54
2.10	<i>Race Tazegzawt ou Ham (bleue)</i> .....	56
2.11	<i>Race Srandi ou Sordi ou Sardi et ses variétés</i> .....	58
2.12	<i>Race Dâraa ou race noire</i> .....	59
3.	PRODUCTIONS OVINES EN ALGERIE .....	62
<b>CHAPITRE I. MATÉRIELS ET MÉTHODES .....</b>		<b>65</b>
1.	PRINCIPE D'ÉCHANTILLONNAGE .....	65
2.	EFFECTIFS RACIAUX ET ÉCHANTILLONNAGE.....	65
3.	METHODE D'EXTRACTION DE L'ADN GENOMIQUE .....	68
4.	CONTROLE DE LA QUALITE D'ADN ET DILUTION .....	68
5.	GENOTYPAGE DES MARQUEURS MICROSATELLITES PAR SEQUEUR AUTOMATIQUE .....	70
5.1	<i>Principes des techniques</i> .....	70
5.1.1	Amplification des marqueurs microsatellites.....	70
a.	Principe de la PCR classique .....	70
b.	Amplification en Multiplex.....	71
5.1.2	Électrophorèse capillaire.....	72
5.2	<i>Protocole expérimental</i> .....	73
5.2.1	Choix des marqueurs et préparation des amorces .....	73
5.2.2	Préparation du mélange réactionnel de PCR .....	75
5.2.3	Conditions d'amplification .....	75
5.3	<i>Étude du polymorphisme des microsatellites par séquenceur automatique</i> .....	76
5.3.1	Préparation des échantillons .....	76
5.3.2	Mise en marche du séquenceur et analyse des électrophérogrammes .....	77
6.	METHODES D'ANALYSE STATISTIQUE .....	78
6.1	<i>Principes des analyses faites en génétique des populations</i> .....	80
6.2	<i>Test de conformité à l'équilibre de Hardy-Weinberg</i> .....	80
6.3	<i>Fiabilité des loci microsatellites</i> .....	81
6.3.1	Détection des allèles nuls.....	81
6.3.2	Taux de polymorphisme (PIC) .....	82
6.3.3	Déséquilibre d'association .....	82
6.4	<i>Analyse de la diversité intra-population</i> .....	82
6.4.1	Richesse allélique .....	82
6.4.2	Fréquences alléliques.....	83
6.4.3	Taux d'hétérozygotie .....	83
6.4.4	Nombre efficace d'allèles.....	85
6.5	<i>Analyse de la diversité inter-populations</i> .....	85

6.5.1	Analyse de différenciation des populations .....	85
a.	Nei statistiques (1973) .....	85
b.	F statistiques de Wright .....	86
6.5.2	Flux des gènes .....	89
6.6	<i>Distances génétiques et arbres de classification</i> .....	89
6.6.1	Distances utilisées .....	89
a.	Distance standard de Nei (1972) .....	89
b.	Distance de Reynolds (1983) .....	90
c.	Corrélation entre matrices de distances génétiques .....	90
6.6.2	Méthodes de construction des dendrogrammes .....	91
a.	Méthode "UPGMA" .....	91
b.	Méthode "Neighbor-Joining" .....	92
6.7	<i>Analyse factorielle des correspondances (AFC)</i> .....	93
6.8	<i>Méthodes de clustering</i> .....	93
6.9	<i>Méthodes d'affectation des individus à une population</i> .....	94

## **CHAPITRE II. RESULTATS ET DISCUSSION ..... 96**

1.	QUALITE DES ADN EXTRAITS .....	96
2.	RESULTATS DU GENOTYPAGE PAR SEQUENCEUR AUTOMATIQUE .....	96
3.	ANALYSE DE LA DIVERSITE GENETIQUE .....	96
3.1	<i>Équilibre de Hardy Weinberg</i> .....	96
3.2	<i>Fiabilité des loci microsatellites</i> .....	99
3.2.1	Détection des allèles nuls .....	99
3.2.2	Déséquilibre de liaison .....	99
3.2.3	Polymorphisme des marqueurs microsatellites .....	100
3.3	<i>Diversité intra populationnelle</i> .....	104
3.3.1	Diversité allélique .....	104
3.3.2	Nombre allélique .....	104
3.3.3	Richesse allélique (Ra) .....	105
3.3.4	Nombre efficace d'allèles (Ae) .....	105
3.3.5	Allèles privés .....	106
3.3.6	L'hétérozygotie observée et attendue .....	108
3.4	<i>Diversité inter populationnelle</i> .....	109
3.4.1	Paramètres de différenciation des populations .....	109
a.	Indice de fixation $F_{IS}$ .....	109
b.	Indice de différenciation $F_{ST}$ .....	112
c.	Flux des gènes .....	113
3.4.2	Distances génétiques et établissement des relations phylogéniques .....	114
a.	Distances génétiques et corrélation .....	114
b.	Arbres phylogénétiques (dendrogramme) .....	116
3.4.3	Résultat d'analyse factorielle des correspondances (AFC) .....	119
3.4.4	Assignment des individus à des populations génétiques et clustering .....	121
a.	Assignment des individus par le logiciel Structure .....	121
b.	Méthodes d'affectation des individus à une population .....	124

## **CONCLUSION GÉNÉRALE..... 128**

## **RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES ..... 134**

## **ANNEXES ..... 151**

## Liste des figures

<b>Figure 1.</b> Phénomène de dérive génétique affecte les petites populations (Bucheton et al., 2008).....	8
<b>Figure 2.</b> Séquence contenant une répétition GTn (Bautista Salas, 2009) .....	21
<b>Figure 3.</b> Modèle de "slippage réplication" permettant d'expliquer l'augmentation ou la diminution du nombre de répétitions dans un microsatellite(Bautista Salas, 2009). .....	22
<b>Figure 4</b> Identification de SNP par extension d'une amorce (http://www.edu.upmc.fr/sdv/masselot_05001/polymorphisme/snp.html).....	25
<b>Figure 5.</b> Informations requises pour concevoir des stratégies de gestion de conservations des races (FAO, 2008). .....	29
<b>Figure 6.</b> Phylogénie des Ovins (Sous – famille des Caprinés) (Vivicorsi, 1998).....	31
<b>Figure 7.</b> Habitats naturels, centre de domestication et voies de diffusion des espèces Ovisaries dans le monde. ....	32
<b>Figure 8.</b> Mouflon d'Europe « <i>Ovis orientalis musimun</i> » (Laoun, 2007) .....	33
<b>Figure 9.</b> Mouflon d'Asie « <i>Ovis orientalis laritanica</i> » (Laoun, 2007) .....	33
<b>Figure 10.</b> Urial; <i>Ovis vignei</i> (Laoun, 2007) .....	34
<b>Figure 11.</b> Argali; <i>Ovis ammon sairensis</i> China, Kazakhstan (Laoun, 2007). ....	34
<b>Figure 12.</b> Caryotype le « G-banding » du mouton sauvage Konya (Turquie) (Arslan et Zima, 2011).....	35
<b>Figure 13.</b> Analyse du génome des moutons à différents niveaux avec différentes ressources génomiques (Goldammer et al., 2009). .....	36
<b>Figure 14.</b> L'évolution du cheptel d'ovin en Algérie (millions de têtes) (FAO stat, 2014 ; MADR, 2015).....	38
<b>Figure 15.</b> Aire de répartition de la race Oued Djellal en Algérie (Chekkal et al., 2015).....	42
<b>Figure 16.</b> Aire de répartition de la race Hamra en Algérie (Chekkal et al., 2015).....	44
<b>Figure 17.</b> Aire de répartition de la race Rembi en Algérie (Chekkal et al., 2015).....	46
<b>Figure 18.</b> Aire de répartition de la race Taâdmit en Algérie (Djaout et al., 2017).....	47
<b>Figure 19.</b> Aire de répartition de la race D'men en Algérie (Chekkal et al., 2015). ....	49
<b>Figure 20.</b> Aire de répartition de la race Sidaoun en Algérie (Chekkal et al., 2015). ....	51
<b>Figure 21.</b> Aire de répartition de la race Ifilène en Algérie (Chekkal et al., 2015).....	52
<b>Figure 22.</b> Aire de répartition de la race Berbère en Algérie (Chekkal et al., 2015).....	54
<b>Figure 23.</b> Aire de répartition de la race Barbarine en Algérie (Chekkal et al., 2015).....	56
<b>Figure 24.</b> Aire de répartition de la race Tazegzawt en Algérie (Chekkal et al., 2015). ....	57
<b>Figure 25.</b> Aire de répartition de la race Srandi en Algérie (Djaout et al., 2017) .....	59

<b>Figure 26.</b> L'évolution de tonnage de la production ovine (viande, lait et laine) (FAO stat, 2014).....	62
<b>Figure 27.</b> Carte des sites visités durant l'échantillonnage pour les 12 races ovines en Algérie .....	66
<b>Figure 28.</b> NanoDrop2000c Thermo Scientific .....	69
<b>Figure 29.</b> Fonctionnement du NanoDrop .....	69
<b>Figure 30.</b> Schéma du principe de la PCR.....	71
<b>Figure 31.</b> Exemple d'un résultat d'une PCR multiplex (Nikolic, 2009).....	72
<b>Figure 32.</b> Le séquenceur automatique à droite et le moniteur de réglage à gauche.....	73
<b>Figure 33.</b> Démarrage de séquenceur automatique : Analyse des fragments de PCR marqués par fluorescence (bleu, vert, noir et rouge (marqueur de taille)).....	77
<b>Figure 34.</b> Les électrophérogrammes correspondent aux marqueurs microsatellites (Fluorescence vert et bleu). .....	78
<b>Figure 35.</b> Nombre d'allèles mis en évidence pour chaque marqueur microsatellite dans les 12 populations ovines étudiées. ....	101
<b>Figure 36.</b> Histogramme du test de Mantel .....	115
<b>Figure 37.</b> Dendrogramme basé sur les distances génétiques minimales de Nei entre 12 races (méthodologie de ré échantillonnage bootstrap (1000 répétitions)), par l'approche « UPGMA » .....	117
<b>Figure 38:</b> Arbre phylogénétique obtenu à partir de la distance génétique standard de Nei par l'approche « UPGMA » Gaouar, 2009 .....	117
<b>Figure 39.</b> Dendrogramme basé sur les distances Reynolds entre 12 races (méthodologie de ré échantillonnage bootstrap (1000 répétitions)), par l'approche « Neighbor-Joining ».....	118
<b>Figure 40:</b> Arbre phylogénétique obtenu à partir de la distance génétique de Reynolds par l'approche « Neighbor-Joining » (Gaouar , 2009).....	118
<b>Figure 41.</b> Pourcentages de la variabilité moléculaire chez la population ovine algérienne .	119
<b>Figure 42.</b> Représentation par AFC dans l'espace de 3 -dimensions des échantillons des 12 races ovines étudiées. A) Sur l'ensemble de 12 races. B) Sur l'ensemble de 296 individus.	121
<b>Figure 43.</b> Détermination de la valeur de K la plus vraisemblable selon la méthode Evanno et al. (2005). La variation de second ordre du log-likelihood K ( $\Delta K$ ).....	122
<b>Figure 44.</b> Estimation de la structure de la population avec des valeurs K différentes (K = 2 à 12).....	123

## Liste des tableaux

<b>Tableau 1.</b> Caractéristiques des variétés de la race Ouled Djellal.....	41
<b>Tableau 2.</b> Un tableau récapitulatif met en évidence les performances et les reproductivités des races ovines algériennes .....	61
<b>Tableau 3.</b> Informations sur les sites d'échantillonnage et effectifs des animaux échantillonnés .....	67
<b>Tableau 4.</b> Caractéristiques du panel de 15 marqueurs microsatellites utilisé dans cette étude. ....	74
<b>Tableau 5.</b> Préparation des solutions de PCR.....	75
<b>Tableau 6.</b> Les conditions de cyclage thermique utilisées pour touchdown PCR.....	76
<b>Tableau 7.</b> Préparation des solutions des plaques d'échantillons du séquenceur.....	76
<b>Tableau 8.</b> Liste des logiciels bioinformatiques utilisées dans les analyses statistiques de cette étude. ....	79
<b>Tableau 9.</b> Microsatellites en déséquilibre de Hardy-Weinberg ( $p < 0,0035$ ) pour les cinq populations étudiées. Les couleurs servent à identifier les mêmes marqueurs dans différentes populations .....	98
<b>Tableau 10.</b> Valeurs des paramètres génétiques pour chaque locus choisi et chez toutes les races ovines étudiées .....	103
<b>Tableau 11.</b> Mesure de la diversité génétique de 12 races ovines Algériennes .....	106
<b>Tableau 12.</b> Allèles privés pour chaque locus et chaque population.....	107
<b>Tableau 13.</b> Hétérozygoties attendues, observées et non biaisées avec erreur standard pour chaque race ovine sur l'ensemble des 15 microsatellites étudiés.....	109
<b>Tableau 14.</b> Valeurs des $F_{IS}$ par locus et par population .....	111
<b>Tableau 15.</b> Valeurs de $F_{ST}$ entre les paires de 12 populations .....	113
<b>Tableau 16.</b> Flux des gènes entre les paires des 12 populations ovines .....	114
<b>Tableau 17.</b> Distances génétiques entre les 12 populations ovines étudiées : distance de Reynold au-dessus de la diagonale et la distance standard de Nei ci-dessous en diagonale. .	115
<b>Tableau 18.</b> Estimation postérieure de la probabilité [ $\ln Pr (X K)$ ] pour différents nombres de groupes inférés ( $K$ ) et $\Delta K$ statistique.....	122

## Liste des photos

<b>Photo 1.</b> Bélier Ouled Djellal à Biskra .....	42
<b>Photo 2.</b> Bélier Ouled Djellal à Sétif .....	42
<b>Photo 3.</b> Brebis Ouled Djellal à Tiaret.....	42
<b>Photo 4.</b> Brebis Hamra à Mechria (Nâama).....	44
<b>Photo 5.</b> Brebis Hamra à Mechria (Nâama).....	44
<b>Photo 6.</b> Bélier Hamra à Saïda (ITELV).....	44
<b>Photo 7.</b> Brebis Rembi à Djanet (Illizi) .....	46
<b>Photo 8.</b> Bélier Rembi à El-Kala (El-Tarf) .....	46
<b>Photo 9.</b> Tête à couleur rousse avec tache blanche à la nuque (d'où le nom Sagâa).....	46
<b>Photo 10.</b> Bélier Taâdmit (Taâdmit) .....	47
<b>Photo 11.</b> Antenais Taâdmit.....	47
<b>Photo 12.</b> Antenaises D'men à Adrar .....	49
<b>Photo 13.</b> Brebis D'men à Adrar .....	49
<b>Photo 14.</b> Bélier D'men à l'ITELV de Saïda.....	49
<b>Photo 15.</b> Bélier Sidaoun à Djanet (Illizi).....	50
<b>Photo 16.</b> Bélier Sidaoun à Djanet (Illizi).....	50
<b>Photo 17.</b> Bélier Sidaoun à Djanet (Illizi).....	50
<b>Photo 18.</b> Brebis Sidaoun à Laghouat.....	51
<b>Photo 19.</b> Bélier Dubasi du Soudan .....	51
<b>Photo 20.</b> Bélier Nili du Soudan .....	51
<b>Photo 21.</b> Brebis Ifilène à Djanet (Illizi).....	52
<b>Photo 22.</b> Bélier Ifilène à Djanet (Illizi) .....	52
<b>Photo 23.</b> Bélier Uda à Nigeria ( <b>Adebambo et al., 2004</b> ) .....	52
<b>Photo 24.</b> Brebis Berbère des montagnes de Bouhadjar .....	54
<b>Photo 25.</b> Brebis Vallé del Belice (Sicile, Italie) ( <b>Gaouar, 2009</b> ) .....	54
<b>Photo 26.</b> Brebis Barbarine aux Sahara de Oued Souf .....	55
<b>Photo 27.</b> Bélier Barbarine à l'ITELV Saïda .....	55
<b>Photo 28.</b> Brebis Tazegzawt à Béjaïa .....	57
<b>Photo 29.</b> Bélier Tazegzawt à Mechria (Nâama) .....	57
<b>Photo 30.</b> Brebis Chakhma à Mechria (Nâama) .....	57
<b>Photo 31.</b> Brebis et Bélier Martinique en France ( <b>Daniel., 2000</b> ).....	57
<b>Photo 32.</b> Bélier Srandi avec des pigmentations noires à Nama.....	59
<b>Photo 33.</b> Antenais Srandi avec des pigmentations marron à Mechria (Nâama).....	59
<b>Photo 34.</b> Antenais Srandi avec des pigmentations irrégulières dans la région de Tlemcen... 59	
<b>Photo 35.</b> Brebis Dâraa dans la région de Tlemcen .....	60
<b>Photo 36.</b> Brebis Française noire du Velay ( <b>Daniel., 2000</b> ).....	60
<b>Photo 37.</b> Bélier Noire de Thibar à Zaghouène. Tunisie .....	60

## Liste des annexes

<b>Annexe 1.</b> Protocole d'extraction d'ADN à partir du sang total par la technique NaCl « Salting Out » .....	151
<b>Annexe 2.</b> Les résultats de la lecture des pics après l'analyse des fragments par le séquenceur automatique .....	153
<b>Annexe 3.</b> Les fréquences d'allèles nuls (p) .....	153
<b>Annexe 4.</b> Déséquilibre d'association à l'échelle des 12 populations ovines étudiées.....	154
<b>Annexe 5.</b> Distribution des fréquences alléliques par population et par locus .....	155
<b>Annexe 6.</b> Affectation de tous animaux sauf les animaux qui sont 100 % affectés à leur race exacte.....	159
<b>Annexe 7.</b> Articles publiés .....	161



## Liste des abréviations

---

<b>ADN mt</b>	ADN mitochondrial
<b>AFC</b>	Analyse Factorielle des Correspondances
<b>CCD</b>	Dispositif à transfert de charge
<b>CDB</b>	Convention sur la diversité biologique
<b>D-loop</b>	Displacement loop
<b>DO</b>	Densité optique
<b>DST</b>	Diversité entre populations
<b>EDTA</b>	Ethylène diamine tétra acétique
<b>FAO</b>	Food and Agriculture Organization
<b>F<sub>IS</sub></b>	Indice de Fixation
<b>G<sub>ST</sub></b>	Coefficient de différenciation génétique
<b>H<sub>e</sub></b>	Taux d'hétérozygotie attendue
<b>H<sub>nb</sub></b>	Taux d'hétérozygotie non biaisé
<b>H<sub>obs</sub></b>	Taux d'hétérozygotie observé
<b>H<sub>S</sub></b>	Diversité intra-population
<b>H<sub>T</sub></b>	Diversité génétique totale
<b>EHW</b>	Equilibre de Hardy-Weinberg
<b>INRA</b>	Institut National de la Recherche agronomique
<b>ISAG</b>	International Society for Animal Genetics
<b>ITELV</b>	Institut technique d'élevage
<b>K</b>	Cluster
<b>M</b>	Masse molaire
<b>MADR</b>	Ministère de l'Agriculture et du Développement Rural
<b>MgCl<sub>2</sub></b>	Chlorure de Magnésium
<b>NaCl</b>	Chlorure de sodium
<b>Pb</b>	Paires de bases
<b>PCR</b>	PolyméraseChainréaction
<b>QTL</b>	« 'Quantitative Trait Loci » : caractère quantitatif d'intérêt économique
<b>RAPD</b>	Random amplified polymorphic DNA
<b>RFLP</b>	Restriction fragment length polymorphism
<b>RGA</b>	Ressources génétiques animales
<b>SE</b>	Erreur standard
<b>SNP</b>	Single nucleotide polymorphism
<b>STR</b>	Short tandem repeats
<b>Taq</b>	Thermus aquaticus
<b>VNTR</b>	Variable Number of Tandem Repeat

---

---

# **INTRODUCTION GÉNÉRALE**

---

Depuis des millénaires, les espèces vivantes n'ont cessé de se disperser dans des milieux très variés, bien au-delà de leurs centres d'origine. Ces espèces ont ainsi dû évoluer et s'adapter progressivement à des environnements très variés. Ceci a conduit à la formation et à l'expression d'une importante diversité génétique au sein des espèces. Cette diversité se matérialise au travers d'une grande variété de formes et de caractères transmis par voie héréditaire. Elle a grandement évolué au cours du temps du fait des pressions de sélection naturelle, mais aussi de l'action exercée par les communautés humaines tout au long de leur histoire dans les différentes régions du monde (Fao, 2007).

Ce n'est qu'après le début des années soixante que le monde a commencé à avoir conscience de la disparition des races qui n'étaient pas considérées comme les plus rentables. En référence à la tenue de la convention sur la diversité biologique adoptée lors du sommet de la Terre à Rio en 1992 et le protocole de Nagoya sur l'accès aux ressources génétiques qui a été adopté en 2010 à Nagoya, au Japon, les pouvoirs publics ont commencé à réfléchir sur des alternatives orientées vers l'exploitation rationnelle, et la conservation des ressources naturelles comme une nécessité d'un développement durable. Ainsi, la notion de biodiversité a été largement diffusée.

Aujourd'hui l'importance de la biodiversité est reconnue et il ne fait aucun doute qu'elle participe à la sauvegarde des écosystèmes et de différentes espèces. Un système diversifié, comprenant un nombre significatif d'espèces jouant un rôle actif dans les cycles naturels, est une assurance contre les risques de déséquilibre (Fadlaoui, 2006). Ainsi, la diversité génétique que l'on trouve chez les races d'animaux domestiques représente son potentiel évolutif. Elle favorise l'adaptation des cheptels aux diverses conditions d'environnement et de stress, y compris les maladies, le manque temporaire d'aliment et/ou d'eau, la température, l'humidité et beaucoup d'autres facteurs (Feliachi et al., 2003).

Cependant, la diversité génétique des animaux d'élevage est menacée. Le nombre signalé de disparitions de races est très préoccupant. D'après la FAO «Food and Agricultural Organization of the United Nations», 30 % des races d'élevage sont menacées d'extinction et environ six races disparaissent chaque mois (FAO, 2004).

Le mouton a probablement été parmi les premiers animaux domestiqués au Croissant Fertile, il y a environ 8 000 à 9 000 ans. L'information archéologique suggère deux zones indépendantes de domestication de moutons en Turquie - la vallée de l'Euphrate supérieure dans l'Est de la Turquie et l'Anatolie centrale (Peters et al., 1999). Il s'est ensuite répandu dans le monde entier, s'adaptant aussi bien aux zones herbagères du nord de l'Europe ou de la

Nouvelle-Zélande qu'aux régions sèches voire semi-désertiques, de l'Afrique et de l'Australie (Tabet-Aoul, 1999).

En Algérie, l'espèce ovine représente la tradition en matière d'élevage. Il constitue l'un des revenus les plus importants au tiers de la population algérienne (Chellig, 1992). En effet, le mouton est un des rares animaux de haute valeur économique à pouvoir tirer profit des immenses espaces de pâturages des régions arides constituées par la steppe qui couvrent 12 millions d'hectares, ce territoire est cinq fois plus étendu que le reste des terres cultivables de l'Algérie (Chellig, 1992).

Actuellement, le cheptel ovin renferme plusieurs races présentant diverses caractéristiques de résistance, de prolificité, de productivité de viande, de lait et de laine ainsi qu'une bonne adaptation au milieu aride steppique et saharien. Cependant, en raison de la situation actuelle de l'élevage ovine en Algérie qui est caractérisé par l'absence de toute stratégie de préservation et de conservation de la variabilité génétique ovine. Depuis quelque temps et surtout après avènement de la mécanisation dans la steppe, un phénomène dangereux menace la diversité génétique de notre cheptel ovine ; représenté par les croisements non contrôlés pratiqués dans plusieurs régions du pays par l'introduction de la race OuledDjellal, qu'est une race favorisée par les éleveurs dont le rendement en viande est le plus important (dans son berceau) par rapport aux autres races. Ce phénomène va sans doute entraîner une régression du nombre et de la variabilité génétique de certaines races comme la race Hamra (Gaouar, 2009).

Les récents développements en matière de génétique moléculaire ont fourni des outils nouveaux et puissants, appelés marqueurs moléculaires, pour évaluer les origines des espèces d'animaux d'élevage et la distribution géographique de leur diversité. Les marqueurs protéiques ont été les premiers marqueurs moléculaires utilisés pour l'élevage. Un grand nombre d'études, surtout au cours des années 70, ont documenté la caractérisation du groupe sanguin et des systèmes d'allozymes.

Toutefois, le niveau de polymorphisme des protéines est souvent faible et, par conséquent, l'applicabilité générale du typage des protéines dans les études sur la diversité est réduite. Les polymorphismes basés sur l'ADN sont actuellement les marqueurs préférés pour les enquêtes moléculaires en matière de diversité génétique. Les marqueurs d'ADN polymorphes indiquant les différents modèles d'hérédité mendélienne peuvent s'étudier dans presque toutes les principales espèces d'animaux d'élevage. Ils incluent la séquence de la boucle D et les séquences du cytochrome B dans l'ADN mitochondrial (hérédité maternelle), les

polymorphismes d'un seul nucléotide (SNP) et les microsatellites spécifiques du chromosome Y (hérédité paternelle) et les microsatellites autosomiques (hérédité biparentale).

Les microsatellites autosomiques ont été isolés en grande quantité dans la plupart des espèces d'animaux d'élevage. La FAO et la Société internationale de génétique animale (ISAG) ont recommandé des listes de marqueurs microsatellites autosomiques pour les études en matière de diversité génétique (<http://www.fao.org/dad-is>). Les marqueurs génétiques fournissent différents niveaux d'informations sur la diversité génétique. Les loci des microsatellites autosomiques sont habituellement utilisés pour estimer la diversité génétique et la différenciation entre les populations, le calcul des distances génétiques, l'estimation des parentés et des mélanges génétiques entre populations.

L'étude de la diversité génétique des races ovines locales algériennes a été très limitée depuis longtemps aux caractéristiques phénotypiques, notamment celles relatives à la morphométrie (Djaout et al., 2017 ; Chekkal et al., 2015 ; Belaib, 2012). Quant à la caractérisation sur le plan moléculaire par les marqueurs biochimiques, aucun travail n'a été enregistré à l'état actuel sur la diversité génétique des races ovines qu'il s'agisse des groupes sanguins ou des protéines.

Par contre, il y a peu de travaux qui sont réalisés sur la caractérisation génétique de ces races ovines locales sur le plan moléculaire par les microsatellites. Néanmoins il faut souligner les travaux publiés par Gaouar et ses collaborateurs (2014, 2015 b et 2016 b) portent respectivement sur deux races (Ouled Djellal et Hamra) avec 6 microsatellites, puis sur six races (Hamra, Ouled Djellal, Rembi, Sidaoun, Taâdmit, D'men) en utilisant 30 microsatellites et enfin huit races (Hamra, Oued Djellal, Rembi, Sidaoun, Taâdmit, D'men, Barbarine et Berbère) à travers l'utilisation des SNPs. Cependant, ces auteurs (Gaouar et al., 2015b) affirment que l'échantillonnage utilisé dans leurs précédentes études durant la période 1999-2004 ne reflète pas la situation actuelle de la structure de ces races qui a été progressivement détériorée au cours des dernières années.

### ***Objectifs du travail de thèse***

L'objectif principal de cette thèse est de contribuer à une meilleure caractérisation des races ovines locales algériennes, afin de disposer d'une base de données récente et actualisée reflétant la diversité génétique du cheptel ovin en Algérie dans une perspective de mise en œuvre d'un futur programme d'amélioration génétique de la productivité de ces races locales.

De façon spécifique, la thèse vise la caractérisation génétique et l'étude des relations phylogénétiques de 12 races ovines algériennes (Ouled-Djellal, Hamra, Rembi, D'men, Barbarine, Berbère, Sidaoun, Taâdmit, Tazegzawt, Ifilène, Srandi et Dâraa). Cette analyse de

la variabilité génétique est basée sur l'étude du polymorphisme de l'ADN de ces races par l'utilisation de 15 microsatellites avec la technique PCR et génotypage par séquenceur automatique. L'ensemble des résultats obtenus ont fait l'objet d'une analyse statistique à l'aide de logiciels en prenant en considération différents indicateurs pour l'étude de la variabilité génétique inter- et intra-population. Ainsi, cette thèse a permis pour la première fois d'analyser le génome des races à appellation nouvelle non encore standardisée (races locales Ifilène, Srandi et Dâraa) par des microsatellites.

Enfin, cette étude sur les races ovines locales a nécessité l'utilisation de différentes méthodes (clustering et affectation) pour apprécier leur distance génétique et d'autres paramètres de leur variabilité génétique dans le but de raisonner dans le contexte socio-économique local, les priorités de conservation et de préservation des races étudiées.

La première partie de la thèse synthétise une bibliographie organisée en cinq chapitres. Le premier présente les notions générales sur la biodiversité souvent appliquées dans le domaine de la caractérisation des populations d'animaux d'élevage. Les deux chapitres suivants mettent l'accent, respectivement, sur les approches de caractérisation d'une part et de gestion et de conservation des ressources génétiques animales d'autre part. Le quatrième chapitre expose des généralités sur l'espèce ovine domestique. Enfin, le dernier chapitre traite des caractéristiques phénotypiques des races ovines locales en Algérie.

La partie expérimentale comprend deux chapitres. Le premier, porte sur les matériels et les méthodes utilisées, la description de la zone d'étude et les types et effectifs d'animaux investigués par des enquêtes sur tout le territoire national et les prélèvements d'échantillons sanguins. Le second chapitre présente les résultats moléculaires obtenus à l'aide de marqueurs microsatellites dans l'estimation de la variabilité génétique intra-race et entre races ovines locales algériennes.

Enfin, la thèse se termine par une conclusion générale qui récapitule les principales considérations qui se dégagent des travaux réalisés dans cette étude sur la caractérisation génétique des races ovines locales en mobilisant les moyens disponibles dans un contexte très contraignant (zonage des races, prélèvement et acheminement des échantillons pour analyses en laboratoire). Des perspectives et des recommandations sont suggérées dans le but de diffuser les résultats de recherche en génétique ovine vers les espaces professionnels et universitaires pour une stratégie de gestion et de conservation durables des races ovines en vue de les valoriser sur le plan socio-économique.

---

**PARTIE**  
**BIBLIOGRAPHIQUE**

---

## CHAPITRE I : Rappels sur la biodiversité

### 1. Notions générales

Les ressources génétiques animales représentent une richesse stratégique qui préoccupe tous les pays à travers le monde, ils sont liés à l'histoire démographique des populations et aux processus de sélection naturelle et artificielle (domestication et usages par les hommes). Plusieurs risques liés aux activités humaines ont conduit à une crise grave entraînant leur disparition accélérée. Pourtant, chaque fois que l'une de ces ressources disparaît, l'humanité perd un moyen potentiel d'adapter l'agriculture à de nouvelles conditions socio-économiques et environnementales.

Il est évident que plus la diversité est grande dans un groupe d'individus (sous-population, population, espèce), plus il sera facile pour ce groupe de s'adapter à de nouvelles conditions environnementales. De ce fait, des efforts importants pour comprendre et protéger ces ressources sont nécessaires. Dans ce chapitre, nous montrons les notions générales utilisées dans le domaine d'études et de caractérisation des ressources génétiques animales.

### 2. Biodiversité

Le terme de la biodiversité est composé par les mots bio (du grec βίος « vie ») et « diversité », il consiste à l'étude de la variabilité des écosystèmes et des êtres vivants animal, végétal et microbien sur leurs niveaux génétiques, spécifiques et écosystémiques. Cette diversité est le résultat de millions d'années de sélection naturelle ainsi que de milliers d'années d'activités d'agriculteurs et d'éleveurs, d'utilisation des terres et des forêts et de pratiques halieutiques et aquacoles.

Depuis le sommet de la Terre de Rio de Janeiro en 1992, la préservation de la biodiversité est considérée comme un des enjeux essentiels du développement durable. L'adoption de la Convention sur la diversité biologique au cours de ce sommet engage les pays signataires à protéger et restaurer la diversité du vivant<sup>1</sup>. Au-delà des raisons éthiques, la biodiversité est essentielle aux sociétés humaines qui en sont entièrement dépendantes à travers les services écosystémiques. 2010 a été l'année internationale de la biodiversité, conclue par la conférence de Nagoya sur la biodiversité qui a reconnu l'échec de l'objectif international qui était de stopper la régression de la biodiversité avant 2010, et proposé de nouveaux objectifs qui sont inscrits dans le protocole de Nagoya.



### 3. Diversité génétique

La diversité génétique est un aspect de la biodiversité mesuré à l'échelle des gènes. Ces derniers représentent les plus petites unités des êtres vivants et constituent le substrat sur lequel vont agir les processus évolutifs qui sont à l'origine de la variabilité génétique entre les individus et entre les populations. Ces dernières années avec le développement des techniques de la biologie moléculaire l'étude de la diversité génétique a connu une forte progression. En effet, elle s'intéresse au niveau de similarité ou de différences dans la structure génétique des individus et des populations à partir de différentes sources d'information (phénotypique ou moléculaire).

### 4. Processus évolutifs affectant la variabilité génétique des populations

Au sein d'une espèce donnée et à un instant donné, la variabilité génétique se répartit en un composant inter-populations et une composante intra-population. Les phénomènes auxquels sont soumises les populations peuvent agir, sur l'évolution dans le temps, de l'une ou l'autre composante. D'une part, l'isolement des populations et leur maintien avec des effectifs limités (dérive génétique) et d'autre part, le croisement des populations entre elles (migration), ont des effets opposés sur la variabilité. La sélection tend à accroître la variabilité entre populations, dès lors que différentes populations sont sélectionnées pour des objectifs différents. Elle tend à réduire la variabilité intra-population, soit directement par instauration d'un déséquilibre d'association des gènes et par fixation de certains allèles (mais quand les allèles sélectionnés sont rares, la sélection entraîne un accroissement temporaire de variabilité), soit indirectement en accentuant le phénomène de dérive génétique (Verrier et al., 1989).

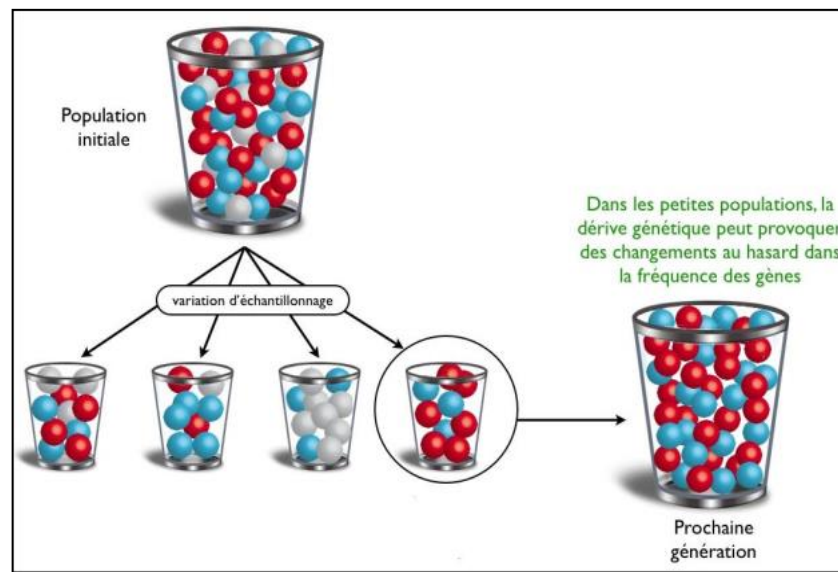
Enfin, les mutations constituent un facteur de nouveauté, ayant des effets sur les deux composantes de variabilité, mais qui ne sont sensibles que sur de longues périodes de temps et que d'autres forces évolutives (dérive génétique, sélection...) entraînent un accroissement de la fréquence des allèles mutés.

#### 4.1 Dérive génétique

Dans des populations de taille finie, le passage d'une génération à l'autre constitue un échantillonnage des gènes. Ce phénomène de dérive génétique, introduit par Wright en 1968, se définit par la fluctuation des fréquences géniques d'une génération à l'autre (variation au cours du temps) à l'intérieur d'une population. L'évolution des fréquences géniques peut être considérée comme un processus aléatoire (absence de sélection en faveur de l'un ou l'autre allèle). Les conséquences suivantes peuvent être engendrées :

- Lorsque le nombre de générations écoulées s'accroît, les différences de fréquences géniques entre sous-populations augmentent ;
- Le taux moyen d'hétérozygoties (calculé sur l'ensemble de la population) diminue ;
- Après un grand nombre de générations, un des deux allèles est fixé dans certains groupes d'individus de la population alors qu'il est perdu dans d'autres et donc diminution du polymorphisme au sein de ces derniers (Rognon et Verrier, 2007).

L'évolution d'une population soumise à la dérive génétique est le résultat d'une succession d'échantillonnages. Ainsi, dans une population comprenant plusieurs sous-populations, la dérive génétique peut occasionner une certaine divergence génétique entre les sous-populations (Hartl et Clark, 1997). (**Figure 1**)



**Figure 1.** Phénomène de dérive génétique affecte les petites populations (Bucheton et al., 2008).

## 4.2 Sélection

La sélection naturelle est un mécanisme qui contribue à l'évolution des espèces. Elle fait le tri entre les individus montrant un différentiel de survie et de reproduction dans un environnement donné. Elle augmente ainsi la fréquence des phénotypes les plus favorables à la survie et à la reproduction (ayant donc un plus grand dynamisme) tandis que les phénotypes les moins adaptés tendront à disparaître. En effet, pour que la sélection agisse, il est nécessaire que :

- Les individus d'une population ne soient pas tous identiques (variation de traits)
- Qu'une part de cette variation affecte les traits liés à la capacité de survivre et/ou de se reproduire et

- (iii) Que les différences de survie/reproduction soient dues à des variations génétiques héritables (par conséquent, ces différences doivent être contrôlées par des gènes transmissibles de génération en génération).

Les porteurs des mutations avantageuses ont plus de descendants qui, à leur tour, auront plus de descendants et ainsi de suite, aboutissant alors à une population dont les individus sont adaptés à leur milieu. Quant à la sélection artificielle, elle est exercée par l'homme sur les espèces domestiques et cela, sans doute, depuis les débuts de la domestication. Contrairement à la migration et à la dérive génétique qui affecte l'ensemble du génome, la sélection n'agit que sur certains loci, et sur leur voisinage direct (locus liés physiquement et/ou fonctionnellement).

### 4.3 Migration et mutation

Ces deux phénomènes sont de nature tout à fait différente. Cependant, leurs conséquences sur la structure génique d'une population sont qualitativement les mêmes dans le sens où ils sont facteurs de nouveauté. Leur effet quantitatif n'est par contre pas du tout du même ordre de grandeur.

#### a. Migration

La migration, référant au mouvement des organismes entre populations non fermées, représente-en quelque sorte le ciment qui tient les populations homogènes génétiquement, et qui fixe les limites de différenciation génétique (Hartl et Clark, 1997).

La migration peut parfois être à sens unique. Dans cette situation, les fréquences alléliques de la population d'origine demeureront constantes dans le temps, contrairement à celles de la population réceptrice. Dans les premières étapes de différenciation entre des sous-populations, un faible taux de migration est suffisant pour retarder la différenciation, à moins qu'il y ait une forte sélection différentielle entre les reproducteurs de la population d'origine et ceux de la population réceptrice (Nei, 1987).

La migration apparaît ainsi comme un moyen rapide de faire évoluer les fréquences géniques. Ceci constitue d'ailleurs un des intérêts du croisement en élevage. En effet, il n'y a d'évolution appréciable des fréquences que s'il y a une différence initiale entre les deux populations (Rognon et Verrier, 2007).

En apportant un flux régulier de gènes extérieurs, la migration permet d'éviter la perte de certains allèles (au moins ceux qui sont présents dans la population migrante). Par ailleurs, dans la mesure où la population migrante est effectivement de grande taille et que les migrants

sont non apparentés entre eux, la migration vient briser les relations d'identité des gènes au sein de la population d'accueil (Rognon et Verrier, 2007).

**b. Mutation**

Le terme mutation est utilisé pour désigner une modification irréversible de l'information génétique et héréditaire. Les mutations peuvent engendrer trois types de polymorphisme : variations ponctuelles, réarrangements de séquences (insertions, délétions, inversions ou duplications) et des variations du nombre de répétitions de séquences anonymes.

Dans un certain nombre de cas, ces événements n'ont pas d'influence visible : c'est notamment le cas lorsque la mutation touche une zone de l'ADN non impliquée dans la structure, la régulation de l'ADN ou le codage d'une protéine donnée.

Dans d'autres cas, en un locus donné, la mutation provoque le changement d'un allèle en un autre déjà présent ou totalement inconnu dans la population. Les mutations qui intéressent le généticien sont celles qui sont susceptibles d'être transmises à la descendance (celles qui interviennent dans les cellules de la lignée germinale).

La mutation ne constitue pas à elle seule une force évolutive susceptible de modifier de façon appréciable les fréquences géniques (le rythme d'évolution des fréquences est très lent). Cependant, le rôle de la mutation, à l'échelle de l'évolution, est fondamental en tant que facteur de création de la nouveauté. Pour que la mutation contribue de façon substantielle à l'évolution d'une population, il est nécessaire que les allèles nouveaux soient "repris" par des forces plus efficaces, comme la sélection ou la dérive.

Ces quatre mécanismes précités contribuent aux modifications des fréquences alléliques d'une population qui selon la loi de Hardy Weinberg doivent se conserver d'une génération à une autre. L'équilibre de Hardy Weinberg (EHW) ou équilibre panmictique reste le modèle central en génétique des populations. Ce dernier a été mis en évidence au début du XXème siècle par un mathématicien anglais G.H. Hardy et un médecin allemand W. Weinberg et stipule que « les fréquences alléliques restent stables, de génération en génération dans une population diploïde idéale, et ne dépendent que des fréquences de la génération initiale ».

La notion d'équilibre dans ce modèle est soumise aux hypothèses suivantes :

- La population est panmictique ;
- La population est de grande taille ;
- Il ne doit y avoir ni sélection, ni mutation, ni migration ;

Les générations ne sont pas chevauchantes, c'est-à-dire qu'il n'y a pas de croisement entre individus appartenant à différentes générations.

## 5. Ressources génétiques animales et notions d'espèce, population et race

Les ressources génétiques sont une fraction de la diversité génétique générale du vivant dont les hommes font usage par la domestication et la sélection (Charrier, 2006). L'expression « Ressources Génétiques » est actuellement attribuée à des objets, parties du monde vivant, allant des séquences d'acides nucléiques à des individus, à des populations, voire des complexes plurispécifiques d'êtres vivants génétiquement identifiés. L'idée de ressources génétiques a émergé, progressivement au cours du siècle passé, de la conjonction des avancées de la connaissance biologique (génétique mendélienne, génétique quantitative, génétique des populations et génétique moléculaire) et du développement corrélatif de techniques et de pratiques (marquages moléculaires et séquençage en masse et avec de hauts débits).

La biodiversité des espèces animales qui ont été domestiquées pour l'agriculture et la production alimentaire est vitale pour la sécurité alimentaire et le développement durable. De nombreuses races autochtones sont bien adaptées aux conditions locales et pourront s'avérer très importantes pour la production animale future, car elles présentent des caractéristiques comme la résistance aux stress climatiques, aux maladies et aux parasites ainsi qu'aux disponibilités alimentaires et hydriques. Globalement, les ressources génétiques animales contribuent pour environ 30 % aux besoins de l'homme en nourriture et en production agricole (Chabi Toko, 2008). Pourtant, ces ressources sont souvent négligées et mal gérées.

Ces dernières années, les RGA ont subi une érosion substantielle et cette évolution pourrait s'accélérer en raison des changements rapides que connaît actuellement l'élevage, la mondialisation, l'agriculture industrielle, l'accroissement de la population et l'urbanisation, et le réchauffement climatique. Par conséquent, 20 % des races d'élevage sont menacées d'extinction : 1500 des 7600 races de la planète pourraient disparaître définitivement dans un avenir proche (Hainzelin, 2013).

Reconnaissant qu'il est nécessaire de mettre en place un cadre efficace de gestion de ces ressources et de faire face à la menace d'érosion génétique, les RGA ont fait l'objet de réglementations dans différents pays et d'un traité international, sous l'égide de la FAO. La FAO a sollicité les différents pays afin qu'ils recensent leurs RGA. L'inventaire de la diversité génétique animale dans divers domaines est exécuté dans la plupart des pays en développement à l'exemple de l'Algérie (Feliachi, 2003).

En septembre 2007, 109 pays se sont réunis à l'occasion de la première conférence technique internationale sur les RGA pour l'alimentation et l'agriculture, qui s'est tenue à Interlaken

(Suisse). La conférence a adopté le plan d'action mondial pour les RGA, qui est le résultat d'un processus d'établissement de rapports, d'analyses et de débats à l'initiative des États. La déclaration d'Interlaken sur les RGA affirme l'engagement des États de mettre en œuvre le plan d'action mondial et de veiller à ce que la biodiversité des animaux d'élevage serve à promouvoir la sécurité alimentaire mondiale et reste disponible pour les générations futures.

Il existe plusieurs définitions possibles du mot « espèce » dans le domaine scientifique. La plus commune fut déterminée par Moret (1966). D'après lui, une espèce se reconnaît à trois couples de caractères à savoir : la morphologie et la physiologie, l'écologie et la distribution, la stérilité extérieure et la fécondité intérieure. Plus clairement, une espèce est un groupe d'êtres vivants, présentant un ensemble de caractéristiques morphologiques, anatomiques, physiologiques et génétiques communes et pouvant se reproduire entre eux, dont la descendance est fertile. Les espèces sont regroupées en genres et divisées en sous-ensembles dénommés populations, races ou encore souches.

Selon Verrier et al. (2001), une population est un ensemble d'individus de la même espèce, vivant sur un territoire, se reproduisant effectivement entre eux. L'isolement géographique et la spéciation sont les principaux phénomènes responsables de la création de différentes populations pour une même espèce, sans oublier l'action de l'homme par l'exercice de la sélection. Très tôt dans l'histoire de la domestication, on voit apparaître l'idée de n'élever que les animaux les plus adaptés aux besoins humains et de les faire reproduire entre eux. La grande diversité des milieux dans lesquels ces animaux a été élevés et les multiples utilisations auxquelles les destinait l'homme (production de viande, lait, œuf, cérémonie, etc.) ont conduit les espèces d'élevage au travers de voies d'évolution multiples. L'homme a alors tenté de regrouper les animaux domestiques en unités de référence nommées « races ».

La notion de race est essentiellement liée à l'isolement presque complet sur plusieurs générations, et donc à la consanguinité, car il est difficilement possible de fixer un caractère initialement anecdotique dans une population sans passer par la reproduction d'un très faible nombre d'animaux portant ce caractère. Cela permet à la population d'acquérir une apparence et des capacités nettement différentes de celles des autres races.

En fait, le concept de race est originaire d'Europe. Dans les pays développés, les races sont définies par un standard (ensemble de normes phénotypiques), par l'utilisation des livres généalogiques et par l'existence d'associations d'éleveurs officielles souvent soutenues par la législation. Le terme est maintenant largement utilisé dans les pays en développement, mais il a tendance à se référer à un concept socioculturel plutôt qu'à une entité physique distincte. Par

conséquent, l'utilisation de ce terme dans les pays en développement, où sont situées la plupart des populations d'animaux d'élevage traditionnelles et locales du monde, est différente de son utilisation dans les pays développés puisqu'ils utilisent ce terme moins rigoureusement et identifient davantage les races en fonction de la localisation géographique, l'appartenance ethnique et les traditions des éleveurs que par les caractères phénotypiques des animaux (FAO, 2008).

## 6. Classification des populations animales domestiques

Selon Tixier-Boichard (2006), une classification des populations animales domestiques en tant que ressources génétiques a été proposée par Lauvergne (1982) et complétée par Audiot (1995). Son principe est de décrire les différents types de populations issues de la domestication d'une espèce sauvage en tenant compte des notions de génétique des populations, de génétique quantitative, aussi d'histoire et de sociologie. Ce principe permet de distinguer quatre catégories de populations animales (Tixier-Boichard, 2006) :

- **La population traditionnelle** : principalement locale ; sa structure génétique est influencée par des forces évolutives telles que la mutation, la migration, la sélection, le système d'accouplement ainsi que sa taille. Elle se caractérise en outre par une importante variabilité morphologique, dans un système d'élevage encore dépendant du milieu.
- **La race standardisée** : elle est dérivée de la population traditionnelle grâce à une communauté d'éleveurs qui s'appuient sur une liste reconnue de descripteurs de race (notion de standard) et donc présente moins de diversité phénotypique. Elle est très souvent sujette à des effets fondateurs et de dérive génétique potentiellement importante. La migration est limitée et les généalogies sont très suivies.
- **La race sélectionnée** : elle est dérivée des races standardisées ou des populations traditionnelles grâce à une approche de sélection avec l'utilisation de méthodes de génétique quantitative. La gestion de la population fait appel à des paramètres économiques et le système de production est souvent intensif. La consanguinité augmente et en raison de la haute intensité de sélection, des problèmes liés à la réduction de la variabilité génétique peuvent apparaître.
- **La race consanguine** : cette race est issue des appariements d'individus apparentés se ressemblant génétiquement. Elle est à un niveau ultime de « différenciation » d'une population avec perte de variabilité pour la fixation d'une caractéristique ou d'un ensemble de caractéristiques. Produite dans un contexte essentiellement expérimental, la lignée consanguine peut représenter l'asymptote de variabilité minimale vers laquelle va tendre une lignée intensément sélectionnée.



## **CHAPITRE II : Approches de caractérisation des ressources génétiques animales**

La caractérisation des RGA révèle un intérêt considérable ces dernières années. De manière globale, les ressources génétiques disponibles sont plus et mieux utilisées lorsqu'elles sont bien connues et bien caractérisées. L'objectif de la caractérisation est d'obtenir une meilleure connaissance des RGA. Cette connaissance est essentielle pour mettre en place des systèmes de gestion, de conservation et d'amélioration.

La caractérisation de la variabilité génétique fait appel à différentes sources d'information historique, phénotypique et moléculaire (Verrier et al., 2005). Les instruments, les techniques et les méthodes récemment développés peuvent fortement renforcer la quantité et la qualité de l'information obtenue dans les activités de caractérisation des races et de leurs systèmes de production. Ce chapitre passe en revue les différentes étapes et approches de caractérisation des RGA.

### **1. Enquêtes sur le terrain et échantillonnage**

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). En absence de tout programme de gestion ou de conservation, des enquêtes spécifiques doivent être mises en place.

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. Les allèles que ce groupe d'individus porte alors, risque d'être surreprésentés. 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 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 soit 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, 2007).

## **2. Différentes approches de caractérisation de la variabilité génétique**

D'une manière générale, la variabilité génétique peut-être définie, en un locus donné, comme la diversité des allèles rencontrés. Pour un ensemble de locus, elle est définie comme la diversité des allèles et de leurs combinaisons. Dans l'absolu, la variabilité génétique peut-être définie sur l'ensemble du génome, mais en l'absence d'un grand nombre de locus facilement étudiés sur de grands effectifs, cette notion peut rester une abstraction pour le zootechnicien. Aussi a-t-on recours à différentes informations (phénotypiques, biochimiques et moléculaires) qui nous donnent accès à telle ou telle part de la variabilité génétique.

### **2.1 Approche morphologique**

On entend par le phénotype le résultat de la simple observation de caractéristiques des animaux (couleur, cornage, aspect du plumage...) ou de mesures morphologiques (taille, poids, nombre de rayons sur les nageoires...) ou de performances (vitesse de croissance, production laitière...). L'avantage de ce type d'information est que son recueil est généralement simple et peu coûteux et peut ainsi s'effectuer sur de grands effectifs d'animaux. Ce phénotype nous donne accès à la variabilité des gènes induisant des variations sur les caractères observés. Ces caractères peuvent être à déterminisme simple (gouvernés par un seul locus, voire deux, et ne sont pas influencés par le milieu), l'interprétation de la variabilité observée est alors aisée, mais ne concerne que le ou les quelque (s) gène(s) responsable(s). En outre, ces caractères ont été ceux pour lesquels les races animales ont pu faire l'objet d'une standardisation. Le reste des caractères sont à déterminisme complexe (gouvernés par un certain nombre de locus, et sont influencés plus ou moins fortement par le milieu). Le passage de la variabilité observée à la variabilité génétique nécessite de prendre en compte correctement les effets du milieu. Par ailleurs, les caractères mesurés sont souvent soumis à la sélection (Rognon et Verrier, 2007).

## **2.2 Approches biochimiques et moléculaires**

Deux types de marqueurs sont connus. D'une part, les marqueurs biochimiques (protéines et groupes sanguins) qui donnent accès aux effets primaires des gènes. D'autre part, les marqueurs moléculaires (minisatellites, microsatellites et SNP « single-nucleotide polymorphisms »...), donnent accès direct au polymorphisme de l'ADN. Dans les deux cas, un échantillonnage d'animaux doit être planifié et des prélèvements biologiques doivent être effectués.

Le grand avantage des marqueurs moléculaires est de décrire directement la variabilité génétique, y compris dans une dimension multi-locus. Durant les dernières décennies, il est apparu évident que les outils biochimiques et moléculaires fournissaient des techniques de choix pour étudier les structures génétiques et l'histoire évolutive des organismes. L'application des méthodes, développées dans le cadre de la génétique des populations aux populations domestiques, a ouvert de nombreux champs d'investigations.

### **2.2.1 Marqueurs biochimiques**

#### *a. 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 (Delacretaz-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).

#### *b. Protéines*

C'est grâce à la technique de l'électrophorèse sur gel qu'il a été possible de mettre en évidence les variantes protéiques. Cette technique est basée sur une migration différentielle des protéines à travers un gel sous l'effet d'un champ électrique. Les études de variants 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. Ces marqueurs ont été (et sont encore) largement utilisés pour des études de génétique des populations. En effet, 15 % des études de caractérisation récentes sont réalisées 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).

### **2.2.2 Marqueurs moléculaires**

Différentes techniques ont été développées pour permettre l'étude du polymorphisme de l'ADN. Le séquençage systématique de fragments d'ADN est possible et de plus en plus automatisé. Une telle pratique donne accès à l'ensemble de l'information de la région étudiée et permet ainsi de mettre en évidence toute variation de séquences nucléotidiques entre deux individus. Cependant cette technique reste coûteuse, en particulier, lorsqu'on veut étudier un grand nombre d'individus et/ou de locus. On peut alors avoir recours à des méthodes indirectes, fondées sur la détection de différences du nombre d'unités de répétitions, de sites de restriction, de conformation, de stabilité et de sites de reconnaissance d'amorces nucléotidiques. Ces techniques reposent sur la PCR (Rognon et Verrier, 2007).

#### **a. ADN mitochondrial**

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). La quasi-totalité de la séquence de l'ADNmt est codante, les gènes sont contigus et ne contiennent pas d'introns.

Les parties non codantes sont limitées à de courtes séquences et à une partie plus longue correspondant à l'origine de réplication (D-loop). Plusieurs études suggèrent que l'utilisation du polymorphisme de cette partie, très variable de l'ADN mitochondrial, est efficace pour la caractérisation intra et inter-races (Kavar et al., 2002 ; Bowling et al., 2000 ; Hill et al., 2002 ; Yang et al., 2002 ; Aberle et al., 2007). D'après l'étude réalisée par Baumung et collaborateurs (2004), 37 % des études de caractérisation sont basées sur l'étude du polymorphisme de l'ADNmt.

### **b. Marqueurs 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, est laborieuse et ne permet pas de traiter aisément un grand nombre d'individus. Cependant le couplage de cette approche avec la PCR a permis d'étudier le polymorphisme de restriction de nombreux gènes (Klungland et al., 1995 ; Lagziel et al., 2000). Ces marqueurs sont toujours utilisés et Baumung et collaborateurs (2004) estiment que 17 % des études utilisent ces marqueurs pour la caractérisation de races domestiques.

### **c. Marqueurs 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 végétaux et en génétique des populations, génère des marqueurs dominants (pas de différenciation des homozygotes et des hétérozygotes pour un site donné).

Rao et ses collaborateurs (1996) passent par l'approche des RAPD pour différencier génétiquement les espèces domestiques à l'échelle intra-spécifique. Rincon et collaborateurs (2000) utilisent les marqueurs RAPD pour étudier la variabilité génétique de races bovines créoles. 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).

### **d. Marqueurs AFLP**

Les marqueurs AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) sont étudiés par une méthode mise au point en 1995 (Vos et al., 1995). C'est une technique apparentée à la technique utilisée pour les RAPD. Elle est basée sur une amplification sélective de fragments de restriction obtenus par digestion de l'ADN génomique. Son principe général repose sur trois phases successives : une digestion-ligation, une amplification pré-sélective et une amplification sélective. Le produit final de ces amplifications est visualisé sur gel de polyacrylamide grâce aux extensions fluorescentes des amorces. 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 génère une grande quantité de marqueurs (Vos et al., 1995 ; Ajmone-Marsan et al., 1997).

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

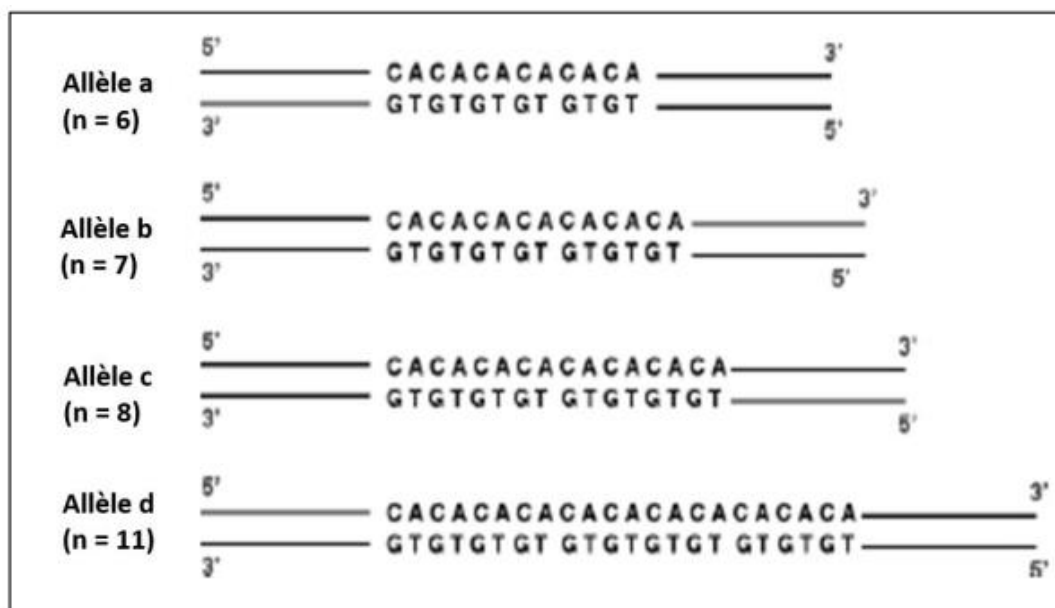
**e. Marqueurs minisatellites**

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 minisatellites sont constitués de répétitions en chaîne (en tandem) d'un motif de 15 à 70 nucléotides. Ces séquences, à nombre variable de répétitions, ont été appelées minisatellites par analogie à l'ADN satellite « vrai » qui se situe au niveau de l'hétérochromatine. Les minisatellites appartiennent à la classe des VNTR (Variable Number of Tandem Repeat). Ils présentent un polymorphisme de taille dû à la variation du nombre d'unités de répétition qui les constituent. Ces éléments sont très largement représentés et distribués dans le génome des mammifères avec une fréquence moyenne d'apparition d'un minisatellite tous les 100 kb. La technique permettant d'étudier ces éléments est nommée empreinte génétique et a été largement employée en génétique des populations.

Ainsi, Trommelen et collaborateurs (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 ces marqueurs.

**f. Marqueurs microsatellites**

L'une des principales méthodes utilisées aujourd'hui est celle mettant en évidence le polymorphisme des locus microsatellites ou STR (Simple Tandem Repeats). Ces derniers sont des séquences d'ADN constituées de répétition en tandem d'un motif de 1 à 6 Pb (Chambers et MacAvoy, 2000). **Figure 2.**



**Figure 2.** Séquence contenant une répétition GTn (Bautista Salas, 2009)

Grâce à leurs caractéristiques, aussi bien biologiques que techniques, ces locus sont des marqueurs de choix pour l'analyse de la diversité entre races. En effet chez les eucaryotes, les microsatellites sont très abondants (50 à 100 000 suivant les espèces) et sont bien distribués dans le génome (Rognon et Verrier, 2007).

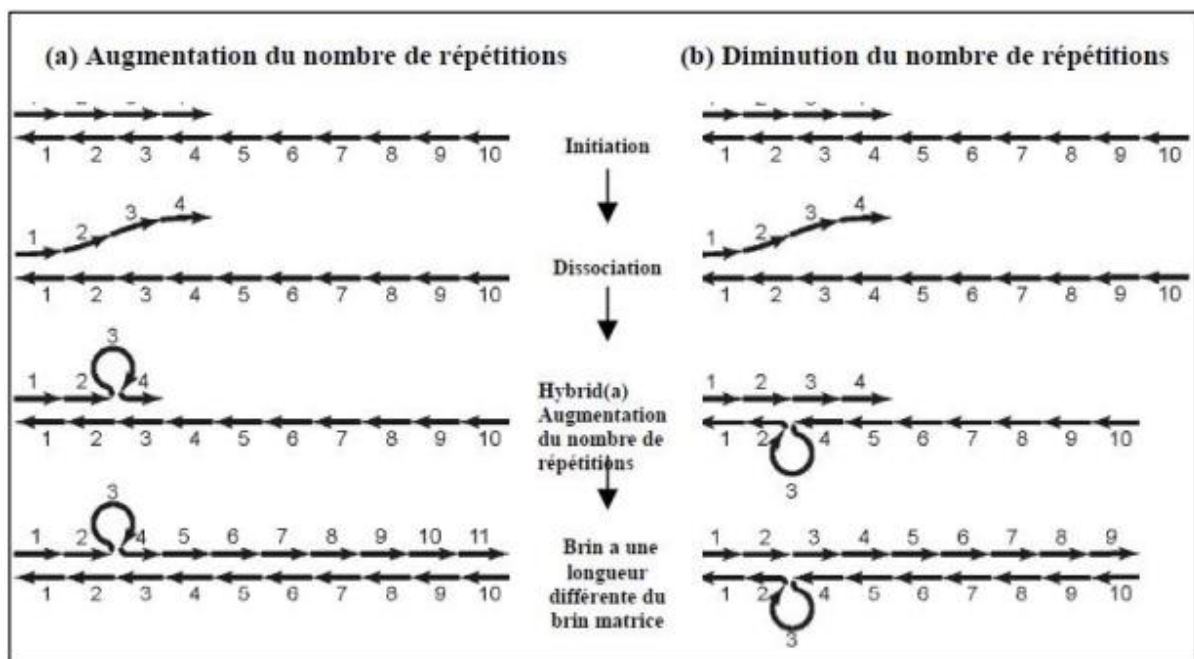
Les microsatellites de type (TG) sont les plus abondants, leur fréquence varie en fonction de l'espèce considérée (Beckman et Weber, 1992). Le polymorphisme de ces séquences est un polymorphisme de longueur qui est dû à la variation du nombre de répétitions du motif de base. Les microsatellites présentent une répartition homogène sur le génome, sont codominants, multialléliques et à priori neutres vis-à-vis du processus de sélection.

En plus de ces caractéristiques, ces marqueurs sont très polymorphes du fait d'un 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 constituant le premier mécanisme.

En effet, les erreurs d'appariement sont fréquentes dans les régions de répétitions en tandem, compte tenu de la forte homologie de séquences entre les répétitions. Tout crossing-over intervenant lors de ces mésappariements produit une augmentation du nombre de répétitions sur l'une des chromatides et une diminution d'un nombre équivalent de répétitions sur l'autre (Cooper et al., 1995).

Le deuxième mécanisme susceptible de générer des mutations est le glissement intra-chromatidien (slippage) a été décrit par Levinson et Gutman en 1987 (Figure 3). Ce modèle est composé de trois étapes :

- *Étape d'initiation* : la polymérase synthétise le brin complémentaire de la séquence répétée.
- *Étape de dissociation* : le brin nouvellement synthétisé se dissocie du brin matrice pendant que la polymérase traverse la région répétée.
- *Étape de rehybridation et erreur d'alignement* : deux cas sont possibles : L'ajout d'une unité de répétition : l'extrémité 3' du brin nouvellement synthétisé se réhybride avec une région complémentaire en amont du brin matrice. Il y a ainsi formation d'une boucle dans le nouveau brin. La polymérase va donc ajouter une unité de répétition supplémentaire. La deuxième hypothèse est la suppression d'une unité de répétition : ce mécanisme est presque identique à l'ajout d'une unité à la différence que la boucle se fait au niveau du brin matrice. La polymérase synthétisera donc une répétition en moins.



**Figure 3.**Modèle de "slippage réplication" permettant d'expliquer l'augmentation ou la diminution du nombre de répétitions dans un microsatellite(Bautista Salas, 2009).

Mis à part leurs propriétés génétiques, les microsatellites présentent des intérêts techniques considérables. En effet, le génotypage des microsatellites est basé sur l'utilisation de la technique PCR, procédure relativement simple et rapide, suivie d'une migration des fragments amplifiés sur gel d'acrylamide. Plusieurs locus peuvent être étudiés simultanément quand les amorces utilisées sont marquées par des fluorophores de couleurs différentes (PCR



multiplex). Ces caractéristiques techniques favorisent ainsi la réalisation d'études de populations à grande échelle à l'aide des microsatellites.

L'intérêt de l'utilisation des microsatellites dans des études de génétique des populations est très récent. 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).

En effet, les potentialités des microsatellites en tant que marqueurs pour mesurer la variabilité génétique des populations semblent considérables (Bruford et Wayne, 1993). Le nombre élevé et croissant d'études de variabilité génétique basées sur les microsatellites et concernant différentes espèces montre que, parmi les systèmes disponibles à l'heure actuelle, les microsatellites sont très efficaces pour la caractérisation et l'étude des relations phylogénétiques entre les populations. Ils sont utilisés du fait de leur stabilité biologique, leur taux de mutation assez élevé et leur dispersion dans le génome. Ces marqueurs sont largement utilisés dans les études de caractérisation d'animaux domestiques. Ainsi Baumung et collaborateurs (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, 2004), 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. 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).

Au sein des populations qui ont subi une pression de sélection, la variabilité génétique diminue. L'objectif est alors de préserver cette dernière afin de permettre la poursuite du progrès génétique sur des QTL, déjà sélectionnés, ou la reconversion des objectifs de sélection vers des caractères peu ou pas pris en compte aujourd'hui. Cette gestion peut être obtenue par l'utilisation des microsatellites.

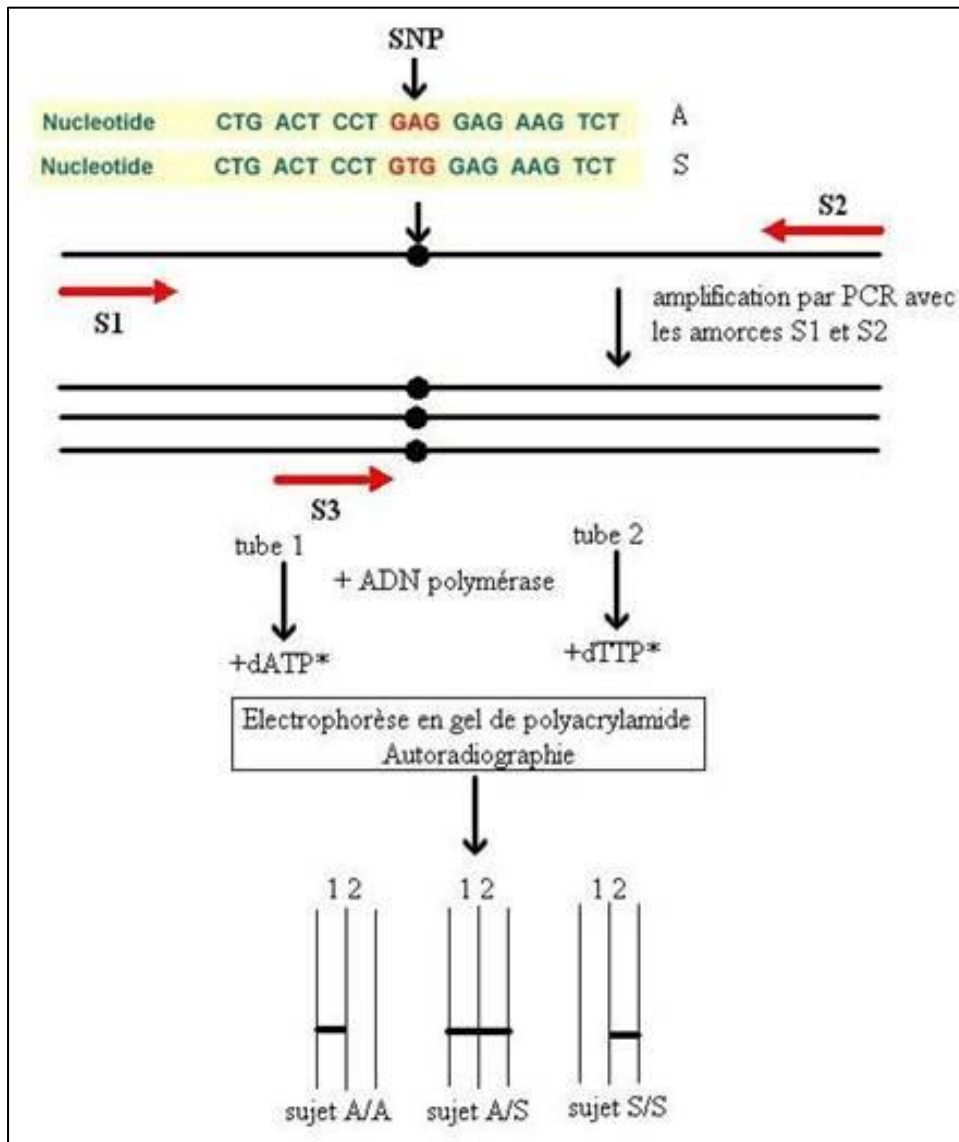
### **g. Marqueurs SNP**

Une nouvelle génération de marqueurs polymorphes est en cours de développement : les SNP ou Polymorphismes de nucléotides uniques qui correspondent à des changements d'une base au niveau de la séquence d'ADN. Ils constituent la plus grande source de polymorphisme génétique caractérisable. 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).

Ces EST représentent des portions génomiques correspondant aux gènes d'une espèce donnée. La présence de polymorphisme chez ces marqueurs, majoritairement due à la présence de mutations ponctuelles est appelée ESTP ou « Expressed Sequence Tag Polymorphism ». Le principal inconvénient de tels marqueurs réside dans leur mise au point. Une fois obtenus, ces marqueurs peuvent se révéler très avantageux par leur facilité d'utilisation et leur reproductibilité (Joly, 2005).

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 en 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 collaborateurs en 2004, 12 % des études sont basées sur l'analyse du polymorphisme de ces marqueurs.

De même que pour les informations sur les séquences, les SNP permettent une comparaison directe et une analyse conjointe des différentes études. Les résultats de ce type d'analyse sont plus faciles à comparer entre les laboratoires qu'ils ne le sont pour les microsatellites. Des ensembles de milliers de SNP sont utilisés pour produire des puces à haute densité (60k ou plus) pour une couverture dense de l'ensemble du génome. 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 (Li et al. 2008)



**Figure 4** Identification de SNP par extension d'une amorce  
 ([http://www.edu.upmc.fr/sdv/masselot\\_05001/polymorphisme/snp.html](http://www.edu.upmc.fr/sdv/masselot_05001/polymorphisme/snp.html))

)

## **CHAPITRE III : Approches de gestion et de conservation des ressources génétiques**

La gestion et la préservation de la variabilité génétique au sein et entre les populations passent par le maintien de toutes les populations existantes. Les approches à suivre sont fixées en fonction de leur statut et des objectifs que l'on se fixe.

Dans le cas des populations menacées dont l'objectif majeur est d'éviter leur disparition, les méthodes de gestion vont dans le sens de la diminution de la consanguinité. Quant aux populations locales dont l'avenir n'est pas menacé et l'objectif est que ces populations entombent pas dans la catégorie précédente, le meilleur moyen étant alors de retrouver, à chacune de ces populations, une niche « écologique » (exploitation d'un milieu présentant des contraintes particulières) et/ou « économique » (type de chair, de ponte, etc.). Concernant les races exploitées et sélectionnées à une échelle nationale ou internationale, l'objectif majeur est de maintenir la variabilité intra-population. Dans ce chapitre, nous présentons, en bref, les différentes approches de gestion et de conservation des ressources génétiques animales.

### **1. Approches de gestion simples**

Dans les populations d'élevage, les reproducteurs mâles sont les moins nombreux. Les voies conduisant à leur choix et la manière dont ils sont utilisés ont le plus d'impact sur l'évolution génétique, qu'il s'agisse de progrès génétique ou d'évolution de la variabilité. Leur choix devra respecter quelques principes bien établis par la théorie de la génétique des populations résumés comme suit :

- (i) Les reproducteurs mâles doivent être aussi nombreux que possible
- (ii) Les tailles de la descendance des reproducteurs mâles doivent être homogènes ;
- (iii) Les reproducteurs mâles doivent être renouvelés rapidement.

Si les deux premiers principes découlent de l'expression analytique de l'effectif génétique d'une population, le renouvellement rapide des mâles, dont l'efficacité est prouvée par la simulation, constitue un moyen de bien représenter les gènes des fondateurs femelles et d'éviter de favoriser outrageusement les gènes d'un reproducteur mâle donné.

### **2. Apport potentiel des marqueurs**

Les données moléculaires sont aujourd'hui nombreuses pour plusieurs espèces et permettent de mieux appréhender l'analyse et la structuration de la diversité génétique entre races et au sein des races. De manière générale, les marqueurs permettent tout d'abord d'affilier les animaux à des familles dans les situations où il est malaisé ou impossible d'enregistrer les généalogies. Cela donne ainsi accès aux méthodes de gestion de la variabilité et au-delà, il est

possible de choisir les reproducteurs présentant le plus de variabilité pour un ensemble démarqueurs. Deux principales stratégies permettent d'aller dans ce sens : choisir préférentiellement des reproducteurs hétérozygotes ou choisir préférentiellement des reproducteurs porteurs d'allèles rares (Verrier et al., 2005). Elles devraient aussi aider à raisonner les choix de conservation (races, effectifs...) et contribuer à une plus large valorisation du matériel. Dans le cas de sélection ou d'élevage récent, l'approche moléculaire devrait aussi permettre de distinguer les animaux des filières de production de ceux des populations naturelles (Fao, 2008).

### **3. Approches de conservation**

Les approches générales de préservation des races animales indigènes comprennent la conservation ex-situ et in situ.

L'approche ex-situ peut être de deux types :

- (i) In vivo, c'est-à-dire la conservation des animaux à l'extérieur de leur environnement d'origine (dans les centres nationaux, les zoos,);
- (ii) In vitro, par la préservation du matériel génétique (spermes, ovocytes...) dans un environnement artificiel par cryoconservation.

La conservation in vivo génère beaucoup de critiques du fait que les animaux ne co-évoluent pas avec l'environnement et donc ne peuvent pas être adaptés aux futurs changements écologiques et économiques. La cryoconservation permet, par le biais de l'insémination artificielle, une meilleure gestion des mâles parentaux en vue de limiter la consanguinité.

Elle est aussi utile pour le renforcement, voire la reconstitution de races en voie d'extinction (BRG, (Bureau des Ressources Génétiques), 1998).

Par ailleurs, l'approche in situ s'effectue avec des animaux vivants dans leurs conditions habituelles d'exploitation. Elle est la meilleure façon de les conserver dans leurs contextes sociaux et écologiques.

La conservation in situ doit être privilégiée dans la mesure du possible, et la conservation ex-situ doit être considérée à la fois comme un moyen complémentaire et une assurance à très long terme. Or, dans les pays en développement, la conservation des ressources génétiques animales ne peut représenter une priorité que si elle est liée à la lutte contre la pauvreté, la sécurité alimentaire et/ou la préservation des écosystèmes.

#### **4. Programmes de conservation des ressources génétiques animales**

Les renseignements obtenus par l'approche de caractérisation favorisent une prise de décision éclairée sur les priorités de la gestion des ressources génétiques animales par les différents groupes d'intérêt, dont les agriculteurs, les gouvernements au niveau national et régional et les organismes internationaux (FAO, 1992 ; FAO/PNUE, 2000). Ces décisions politiques visent à promouvoir la mise en valeur des ressources zoo génétiques tout en garantissant la conservation de ces ressources pour les besoins des générations présentes et futures.

Une considération clé pour la gestion des ressources zoo génétiques au niveau national est la capacité de comprendre si, à un moment donné, une population d'une race particulière est durable de façon autonome ou en danger. Cette première évaluation (enquête de base) de l'Etat de la race ou de la population se base sur des renseignements sur :

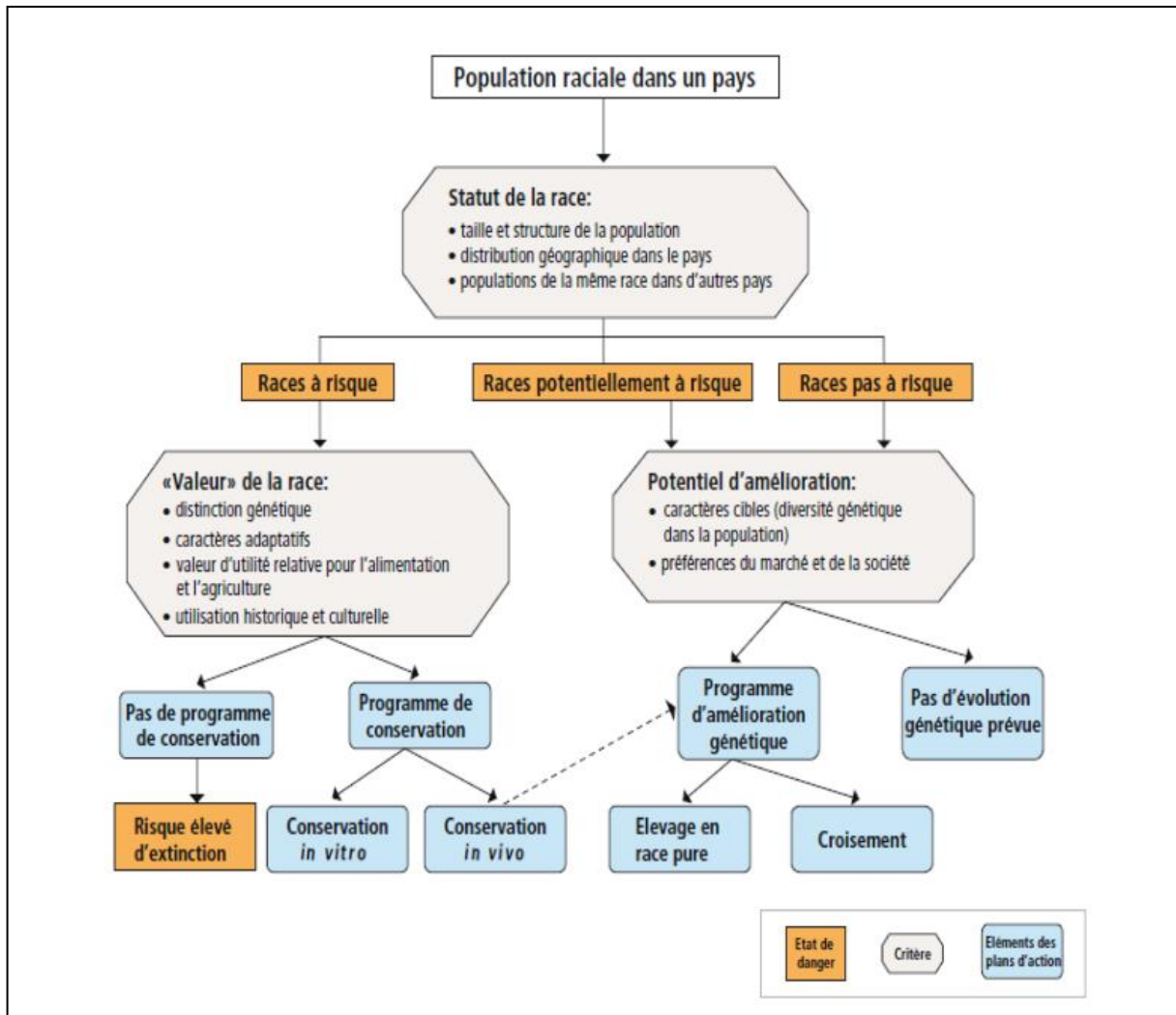
- La taille et la structure de la population ;
- La distribution géographique ;
- La diversité interrassiale ;
- La relation génétique entre races lorsque les populations se trouvent dans plus d'un pays.

Si une population n'est pas en danger (**Figure 4**), aucune action immédiate de mise en œuvre des mesures de conservation n'est nécessaire. Cependant, il faudra prendre des décisions, dans le cadre des plans de développement nationaux, pour les animaux d'élevage qui présentent un potentiel risque d'extinction. Dans ce cas, il faudrait réaliser un programme d'amélioration génétique en réponse, par exemple, aux conditions changeantes de l'environnement. Les informations sur les avantages à long terme pour les éleveurs et la société sont à la base des décisions concernant de tels programmes d'amélioration.

Si une race est en danger, des stratégies actives de conservation doivent se mettre en place sinon il faudra accepter la perte potentielle de la race. Pour allouer les ressources limitées disponibles pour les programmes de conservation, il faut d'abord définir les races prioritaires.

Ces décisions peuvent se baser sur le caractère génétique distinctif, les caractères d'adaptation, la valeur relative pour l'alimentation et l'agriculture ou les valeurs historiques et culturelles des races concernées.

Ces informations sont également nécessaires pour décider l'approche la plus prometteuse entre les stratégies de conservation *in vivo* ou *in vitro* ou une combinaison des deux. Si les races à conserver se trouvent dans plus d'un pays, les décisions devraient se prendre au niveau international. Par conséquent, les institutions/organisations de coordination régionale, ainsi que les politiques nationales de soutien sont nécessaires pour faciliter la prise de décision et passer à l'action. À ce jour, on n'a reçu que très peu d'exemples d'actions concertées par plusieurs pays en matière de gestion des ressources zoo génétiques.



**Figure 5.** Informations requises pour concevoir des stratégies de gestion de conservations des races (FAO, 2008).

## CHAPITRE IV : Généralité sur l'origine de l'espèce ovine

### 1. Position phylogénique.

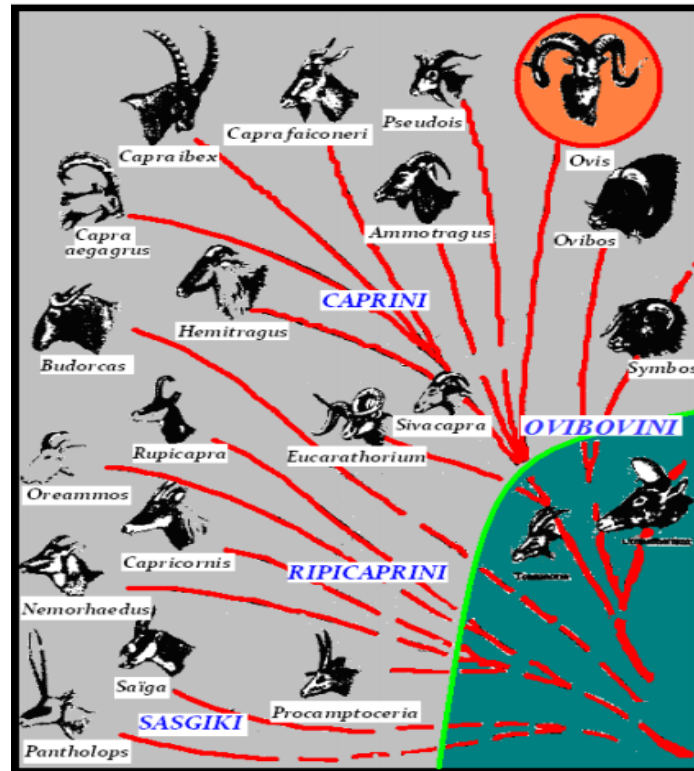
Le mouton domestique, *Ovis aries*, appartient à l'ordre des *Artiodactyla*, et au sous-ordre des *Pecora*. Il est de la famille des *Bovidae*, de la sous-famille des *Caprinae*, et du genre *Ovis*. (Marie Desbois, 2008).

Le terme mouton regroupe plusieurs genres qui sont des formes intermédiaires entre les moutons et les chèvres. Ces genres incluent *Pseudois* (bharal du Tibet et de la Chine de l'Ouest), *Hemitragus* (tahr, qui occupe une position intermédiaire entre la chèvre des montagnes et le mouton américain), et *Ammotragus* (mouton de Barbarie). Ce dernier semble être le seul réel mouton, sur les plans physiologique, anatomique et comportemental, et certains auteurs pensent qu'il s'agit de l'ancêtre du mouton actuel. Le genre *Ovis* a de 4 à 8 espèces selon les auteurs et toutes sont capables de se croiser entre elles. Parmi ces espèces on compte : *Ovis aries* (le mouton domestique), *Ovis ammon* (l'argali), *Ovis canadensis* (le bighorn nord-américain), *Ovis orientalis* (l'urial oriental), *Ovis musimon* (le mouflon), *Ovisragelaphus* (l'aoudad nord-africain), et *Ovis vignei* (l'urial asiatique). (Marie Desbois, 2008) (**Figure 5**).

De façon ordonnée, l'espèce ovine présente le classement suivant :

- **Règne :** *Animalia*.
- **Embranchement :** *Vertébrés*.
- **Classe :** *Mammifères*.
- **Sous-classe :** *Mammifères ongulés*.
- **Ordre :** *Artiodactyles*.
- **Sous-ordre :** *Ruminants*.
- **Famille :** *Bovidés*.
- **Sous-famille :** *Ovinés*.
- **Genre :** *Ovis*.
- **Espèce :** *Ovis aries*. (Marmet, 1971).





**Figure 6.** Phylogénie des Ovins (Sous – famille des Caprinés) (Vivicorsi, 1998)

Par ailleurs, Marmet (1971) mentionne que le genre *ovis* en général et l'espèce *ovis aries* en particulier comprend onze types (Marmet, 1971) :

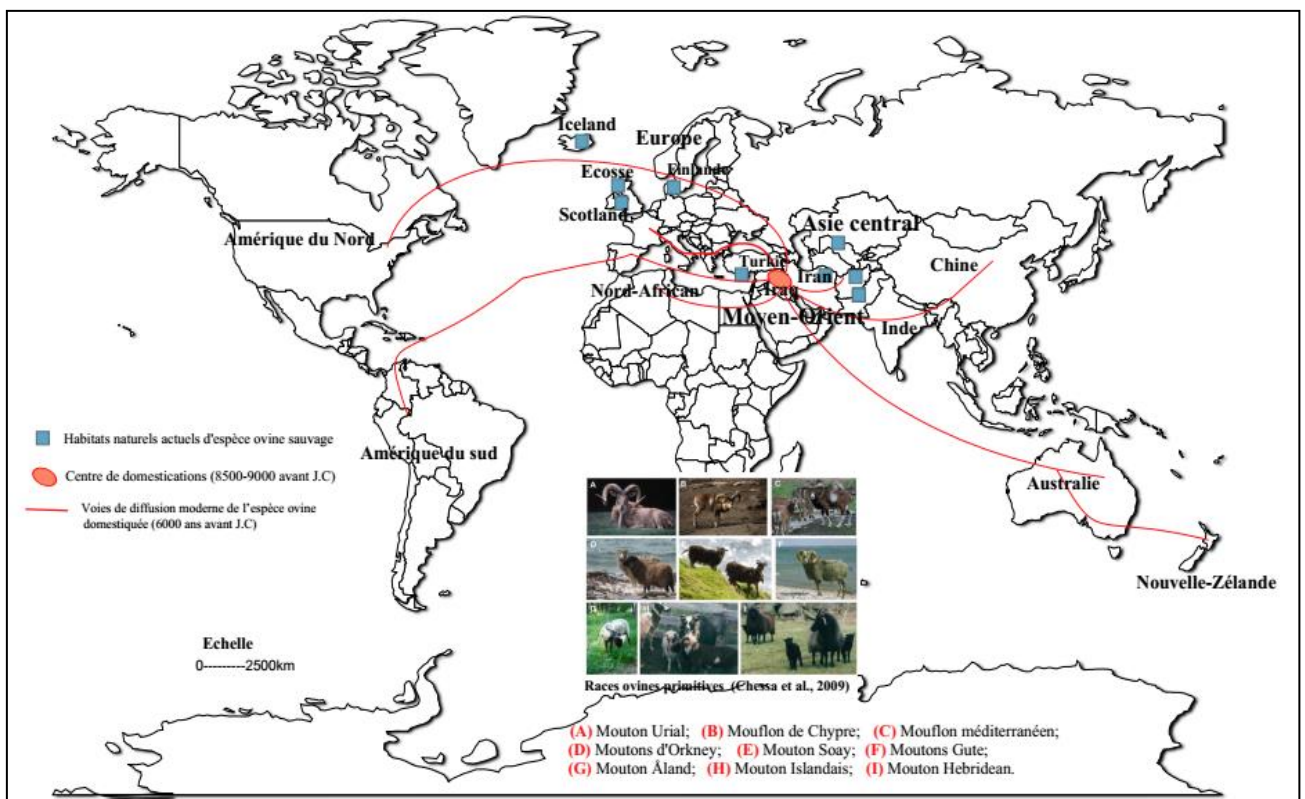
- *ovis aries germinaca* (mouton germanique)
- *ovis aries batavica* (mouton des pays bas)
- *ovis aries hibernica* (mouton des dunes anglaises)
- *ovis aries arvensis* (mouton du plateau central)
- *ovis aries ingevonensis* (mouton du Danemark)
- *ovis aries britanica* (mouton britannique)
- *ovis aries ligenensis* (mouton du bassin de la Loire)
- *ovis aries berica* (mouton des Pyrénées)
- *ovis aries africana* (mouton mérinos)
- *ovis aries asiatica* (mouton de Syrie ou à large queue)
- *ovis aries soudanica* (mouton du Soudan).

## 2. Origines du mouton domestique actuel

Le plus ancien fossile de mouton date de 2,5 millions d'années. Il existe peu de fossiles, sans doute parce que la formation de fossiles n'est pas favorisée dans l'habitat normal des moutons. Les moutons apparaissent d'abord dans le Villafranchien, et on voit quelques

fossiles dans le Pléistocène. C'étaient alors de grands animaux, et ils ont ensuite évolué pour donner des animaux de plus petite taille. On trouve des moutons dans de nombreux habitats, et les races de moutons varient en taille, aspect de la laine, taille des membres, musculature, robe.

L'ancêtre sauvage du mouton est encore vivant à l'heure actuelle, son principal habitat est la chaîne de montagnes de l'Asie centrale. Il s'est répandu au Pléistocène, à la fois vers l'Europe et vers l'Amérique (**Figure 6**). On a d'abord pensé que l'Urial était l'ancêtre commun principal. Ensuite on a attribué au mouflon le fait qu'il avait participé à la formation des races européennes alors que l'argali avait contribué à la création des races asiatiques.



**Figure 7.** Habitats naturels, centre de domestication et voies de diffusion des espèces *Ovisaries* dans le monde.

### 3. Domestication.

Helmer *in* (Fouché, 2006) avait proposé la définition suivante : « la domestication est le contrôle d'une population animale par isolement du troupeau avec perte de panmixie, suppression de la sélection naturelle et application d'une sélection artificielle basée sur des caractères particuliers, soit comportementaux, soit structuraux. Les animaux vivants deviennent en fait la propriété du groupe humain et sont entièrement dépendants de l'homme ».

Les moutons ont été aussi probablement domestiqués pour la première fois dans le croissant fertile, il y a environ entre 8 000 et 9 000 ans. Les informations archéologiques semblent indiquer deux emplacements indépendants de domestication des moutons en Turquie – la vallée supérieure de l'Euphrate, dans la région orientale de la Turquie, et l'Anatolie centrale (Peters et al., 1999).

Il y a deux groupes de mouflons : et le mouflon européen (*Ovis musimon*) qui est natif d'Europe et que l'on trouve encore en Sardaigne et en Corse (**Figure 7**), le mouflon asiatique (*Ovis orientalis*) est un mouton sauvage que l'on trouve encore en Asie Mineure et au sud de l'Iran (**Figure 8**). Ils sont tous les deux assez proches, mais le mouflon asiatique est plus rouge et a des enroulements différents des cornes. L'origine du mouflon européen reste cependant inconnue, et il y a peu de fossiles pour étudier. Encore de nos jours, on trouve en Europe du Nord des moutons domestiques assez peu améliorés, ressemblant au mouflon et avec la queue courte. (Marie Desbois, 2008).



**Figure 8.** Mouflon d'Europe « *Ovis orientalis musimon* » (Laoun, 2007)



**Figure 9.** Mouflon d'Asie « *Ovis orientalis laritanica* » (Laoun, 2007)

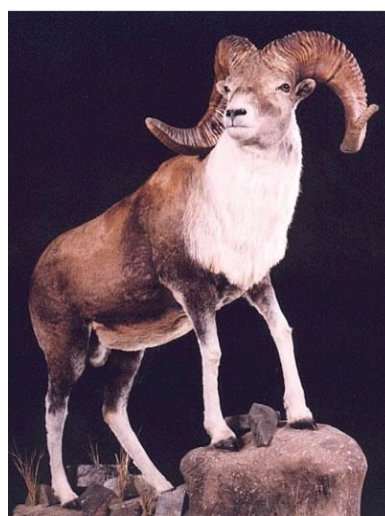
Toutefois, Ryder (1984) a proposé trois espèces de mouton sauvage : l'urial, *Ovis vignei* (**Figure 9**); l'argali, *Ovis ammon* (**Figure 10**); et le mouflon eurasiens, *Ovis musimon/orientalis* (**Figure 7**) ont été considérés les ancêtres du mouton domestique ou du moins avoir introgressé quelques races locales. Cependant, une étude génétique récente n'a indiqué aucune contribution de la part de l'urial ou de l'argali (Hiendleder et al., 1998). Ce résultat soutient l'hypothèse selon laquelle le mouflon asiatique (*Ovis orientalis*), présent dans une vaste région s'étendant de la Turquie jusqu'au moins la République islamique d'Iran, est

le progéniteur unique des moutons domestiques. Le mouflon européen (*Ovis musinom*) est actuellement considéré comme un descendant du mouton sauvage.

Quatre lignées maternelles principales d'ADN mitochondrial ont été enregistrées chez les moutons domestiques (Hiendleder et al., 1998 ; Pedrosa et al., 2005 ; Tapio et al., 2006), dont une ou deux pourraient correspondre à des domestications distinctes et les autres à une introgrérssion sauvage successive. Jusqu'à présent, aucune association claire n'a été décrite entre ces lignées d'ADN mitochondrial et les variétés phénotypiques des moutons (par exemple : le mouton à queue grasse, à queue fine et à fesses grasses).



**Figure 10.** Urial; *Ovis vignei* (Laoun, 2007)



**Figure 11.** Argali; *Ovis ammon sairensis* China, Kazakhstan (Laoun, 2007).

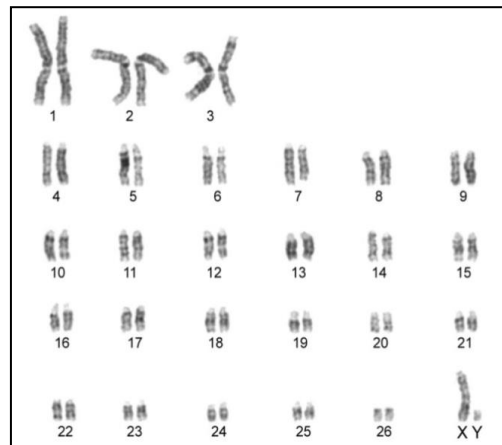
#### 4. Analyse du génome du mouton domestique

L'un des principaux problèmes de l'origine et de la position taxonomique du mouton domestique dans le monde, c'est que la systématique proposée par Linnaeus, (1758) du genre *Ovis* est très compliquée puisque, il existe différentes hypothèses en ce qui concerne le nombre d'espèces (Grubb, 2005).

Néanmoins, les analyses chromosomiques ont contribué de manière significative à la compréhension de la différence évolutive chez les races ovines, les Mouflons européens et les moutons sauvages de l'ouest Paléarctique (*Ovis orientalis*) ont le même nombre diploïde de 54 chromosomes que le mouton domestique. Un nombre diploïde de 58 chromosomes a été enregistré chez les populations iraniennes du mouton Urial (Nadler et al., 1973a, Valdez et al., 1978).

Les moutons Argali possèdent que 56 chromosomes, par contre un nombre de  $2n = 52a$  a été trouvé dans l'espèce *Ovis nivicola* (Eschscholtz, 1929), et  $2n = 54$  chez les espèces américaines (Bunch et al., 2000).

Ces révélations chromosomiques tiennent que les moutons sauvages des types Urial ou Argali ne contribuait pas à la domestication du mouton. Cependant, malgré les différences au niveau du nombre des chromosomes, les différentes espèces du genre *Ovis* peuvent se croiser entre eux (Nadler et al., 1973b). De manière générale, les races ovines domestiques possèdent un nombre de chromosomes  $2n = 54$ . (**Figure 11**)

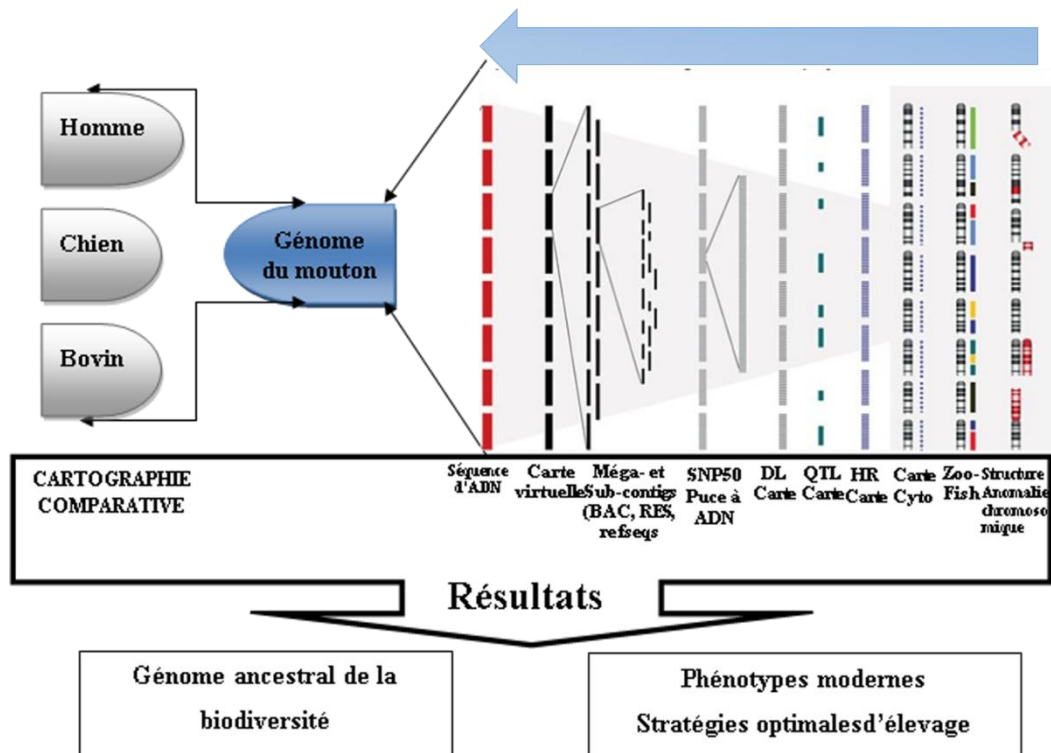


**Figure 12.** Caryotype le « G-banding » du mouton sauvage Konya (Turquie) (Arslan et Zima, 2011)

Les moutons domestiques possèdent de nombreux traits héréditaires qui représentent une importance économique dans l'agriculture animale moderne. En effet, la contribution du mouton aux marchés des aliments et des fibres par la production de viande, de lait et de laine est d'une importance mondiale. Dans le but d'améliorer la production de différentes espèces ovines, les généticiens des animaux ont élucidé avec succès une base moléculaire de nombreux gènes de production au cours de la dernière décennie (**Figure 12**). À ce jour, des locus de caractères quantitatifs (QTL pour quantitative trait loci) ont été identifiés pour de multiples traits à savoir la production laitière (Diez-Tascon et al., 2001), la résistance aux parasites (Beh et al., 2002), la qualité de la laine (McLaren et al., 1997), la salissure fécale de la laine (MacDonald et al., 1998) et la densité osseuse (Campbell et al., 2003)

En outre, les analyses chromosomiques des caractères à un seul gène chez les ovins ont été identifiées et connues, comme celles de la couleur de la laine (Sponenberg, 1997), les traits de viande tels que callipyge (Nielsen et al., 1994) et la musculure des côtes (Freking et al., 2002) et les cornes (Nicholl et al., 1998). Des mutations héréditaires telles que le syndrome de

l'araignade (Montgomery et al., 1996 ; Cockett et al., 1999), la maladie de stockage du glycogène (Beever et al., 2006) et la susceptibilité à la tremblante (Tan et al., 1997)



**Figure 13.** Analyse du génome des moutons à différents niveaux avec différentes ressources génomiques (Goldammer et al., 2009).

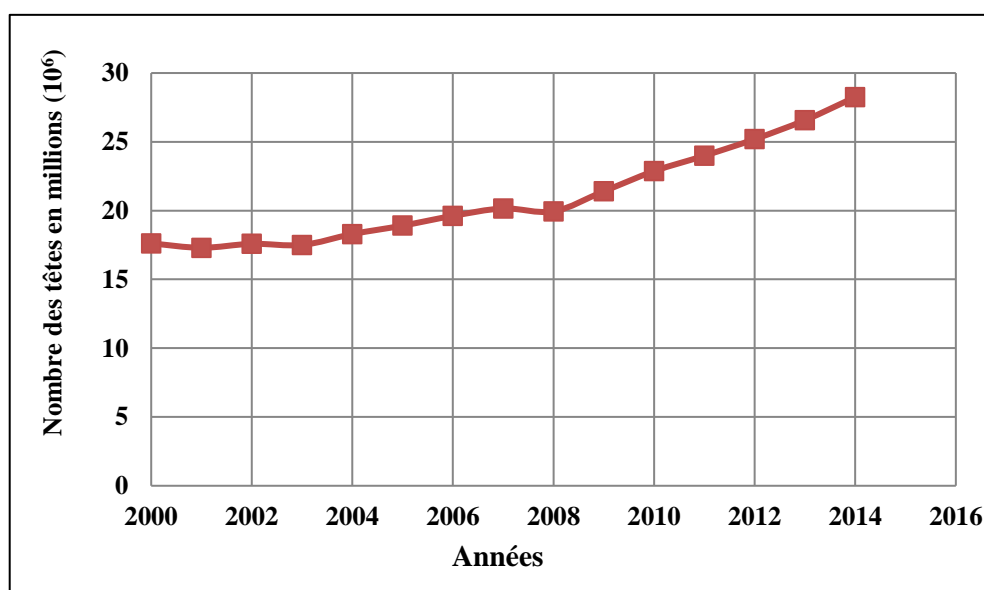
Ces marqueurs sont utilisés pour la sélection génétique basée sur des marqueurs moléculaires ou (SAM) est basée sur l'utilisation de marqueurs moléculaires, de petits segments d'ADN situés près d'un gène d'intérêt (résistance à une maladie, par exemple) dans l'ADN de la plante. Les marqueurs sélectionnés et utilisés au laboratoire permettent de détecter précisément la présence ou l'absence du (ou des) gène(s) d'intérêt recherché(s) dans les plants en cours de sélection. La SAM présente également un intérêt important dans les programmes d'introgession d'un gène d'intérêt dans une variété élite par rétrocroisements (ou back-cross, Figure 1). Les marqueurs sont dans ce cas utilisés pour suivre l'introgession des allèles favorables au gène d'intérêt et accélérer le retour au fonds génétique élite souhaité (en utilisant des marqueurs moléculaires neutres répartis sur tout le génome). (Gallals 1994)

## CHAPITRE V : Aperçu sur les races ovines locales algériennes

### 1. Cheptel ovin algérien

Le cheptel ovin en Algérie est essentiellement composé de races locales qui sont exploitées pour la viande et secondairement pour le lait et la laine dans des conditions arides et semi-arides, aux quelles elles s'adaptent de façon remarquable (Benyoucef et al., 2000). Donc l'élevage ovin est une activité économique (liée à l'exploitation des ressources pastorales) qui continue à jouer un rôle vital dans l'agriculture et l'économie de notre pays, elle représente une part substantielle dans le produit intérieur brut (Kanoun et Kanoun, 2004).

Le cheptel ovin dans le monde est constitué de 1071 millions d'animaux. L'Asie représente 42 % du total, suivie par l'Afrique (27 %), l'Europe (12 %), l'Océanie (10 %), l'Amérique du Sud (8 %), l'Amérique centrale (0,8 %) et en fin l'Amérique du Nord (0,6 %) (FAO stat, 2014). En Algérie, le cheptel ovin algérien est estimé en 2014 à environ 27.8 millions de têtes, Leur répartition au cours de dix ans est indiquée dans la **figure 13**



**Figure 14.** L'évolution du cheptel d'ovin en Algérie (millions de têtes) (FAO stat, 2014 ; MADR, 2015).

### 2. Classification et liste des races ovines algériennes :

Au fil du temps, le cheptel est passé par plusieurs modèles de classifications qui permettent distinguer entre les différentes races commercialisées. En effet, la première classification a été réalisée en 1857 par Mr Bernis (Société Impériale Zoologique d'Acclimatation., 1859) qui a divisé le cheptel ovin en trois catégories :

- Le mouton Touareg, qui est appelé par les naturalistes «le Mouton Morvan », ces moutons n'ont pas de laine, ils sont revêtus de poils ras.
- Le mouton à grosse queue de la province de Constantine, ces moutons ont été trouvés sur une grande partie de la province, la queue grasse est très développée surtout chez les mâles.
- Le mouton à laine et à queue ordinaire dans l'ouest de la province de Constantine et celle d'Alger et d'Oran.

Après une observation de l'évolution des effectifs, une seconde classification du cheptel ovin a été proposée par Chellig (1992) dans laquelle il a séparé la population ovine locale en fonction de leur importance socio-économique en deux groupes composés de huit races

- Les races principales : Ouled-Djellal, Hamra, Rembi et Taâdmit ;
- Les races secondaires : D'men, Sidaoun, Berbère et Barbarine.

Néanmoins, ces deux classifications en fonction des effectifs ont été établies sur la base de certains critères phénotypiques et morphologiques, elles semblent aujourd'hui dépassées, car elles sont incomplètes et ne reflètent pas la situation actuelle. Depuis lors, cette population a connu de grands changements au niveau des effectifs raciaux et de leur berceau.

Selon la distribution géographique ainsi l'étude moléculaire de 22 microsatellites sur 6 races ovines, une classification a été proposée par Gaouar, (2009) qui a séparé la population ovine totale en deux groupes de 3 races :

- Premier groupe contenant les races Ouled Djellal, Rembi et Taâdmit;
- Deuxième groupe représenté par les races D'men, Hamra et Sidaoun. Ce résultat propose la race D'men, est un croisement entre la race Sidaoun et la race Hamra.

L'évolution des effectifs a fait que la classification de ces races par ordre d'importance numérique a été proposée par Djaout et al. (2017) :

- Les races à effectif élevé : Ouled-Djellal, Hamra, Ifilène et Sidaoun ;
- Les races à effectif limité : Rembi, D'men, Taâdmit, Berbère, Barbarine, Tazegzawt, Srandi et Dâraa.

## 2.1 Race Ouled Djellal et ses variétés

La race Ouled-Djellal (dite race arabe blanche) occupe la majeure partie des régions nord, au niveau de la steppe et s'implante aussi au nord du Sahara d'après notre enquête.



Historiquement, cette race aurait été introduite par les Béni-Hilal venus en Algérie au XI<sup>ème</sup> siècle, du Hidjaz (Arabie) en passant par la haute Égypte sous le khalifat des Fatimides. Il faut cependant remarquer que les races ovines du Moyen-Orient et d'Asie sont toutes des races 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 Timgad (Batna). (Chellig, 1992).

Selon Sagne (1950), le qualificatif d'arabe se rattache au territoire où habite une majorité d'éleveurs de langue arabe ; et non pas introduite par les Arabes « les Béni-Hilal » (Trouette, 1929). Le peuplement ovin des steppes fut postérieur à l'occupation romaine et antérieure à la conquête arabe. Il est donc en relation évidente avec les invasions Zénètes et le développement du grand nomadisme, né de l'apparition du dromadaire en Afrique du Nord (Sagne, 1950 ; Turries, 1976). Cette race existe aussi en Tunisie sous le nom de « Bergui ou Queue fine de l'Ouest » (Snoussi, 2003). Mais, récemment, cette race a connu une extension au niveau du tell, de la steppe et du Nord du Sahara (**Figure 14**), ce qui a provoqué le rétrécissement des aires de répartition des races : Hamra, Berbère, Barbarine, Taâdmit, Rembi et D'men.

Sur le plan zootechnique, cette extension est accompagnée dans les régions de l'Ouest par une diminution drastique dans le poids des béliers qui ne dépasse pas les 70 kg dans un système d'élevage extensif alors qu'il peut atteindre facilement les 100 kg pour un même système d'élevage et peut dépasser les 130 kg pour les béliers d'exposition dans son berceau d'origine (Est : Sidi Khaled à Biskra). Cette situation peut être expliquée par les croisements incontrôlés et surtout à l'inadaptation de cette race à vivre dans ces régions (cet état de fait est une constatation des éleveurs de la région qui attestent d'une dégradation de la steppe suite de l'invasion d'autres races particulièrement la race Ouled Djellal).

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 expliquent 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 ce fait par assimilation, ces effets étant le résultat de l'introgression des caractères de résistance par la race autochtone. L'introduction de cette race notamment dans l'Ouest de la steppe à causer de 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).

Les individus de la race Ouled Djellal étudiés sont puissants, les caractéristiques majeures présentent dans le **tableau 1**. Le profil céphalique est convexe. Les animaux enquêtés sont mottes alors que Chellig, 1992 indique dans sa description de cette race que les béliers présentent des cornes moyennes spiralées et absentes chez la brebis (sauf quelques exceptions surtout chez la variété Djellalia). 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).

Selon une enquête menée par Djaout et al. (2017) ont montré que la race Ouled Djellal existe sous quatre variétés selon le format de l'animal, alors que Khelifi. (1999) a décrit deux

Nom	Ouled Djellal (Photo 1).	Hodnia (Photo 2).	Chellalia (Photo 3).
	Djellalia	Naïlia Chaouiya	Safra ou chagra
<b>Localisation</b>	Biskra, Toughourt	Sétif, Constantine, Bousaâda, Batna, M'sila et Oum-El-Bouaghi	Tiaret, Laghouat, Djelfa et Saïda
<b>Caractères majeurs</b>	- Troupeaux très homogènes - Poitrine large - Longiligne, haute sur pattes	plus appréciée par les éleveurs	- Plus petit et plus léger - Tête jaune clair - Membres sont fins
<b>Longueur du corps</b>	101,32 ±9,25 cm	83,64 ±7,30 cm	73,64 ±5,50 cm
<b>Hauteur au garrot</b>	92,34 ±6,13 cm	82,20 ±5,95 cm	70,66 ±6,23 cm
<b>Toison</b>	non envahissante	Semi-envahissante	Laine très fine
<b>Cornes</b>	♂ et ♀ mottes	♀ : mottes, ♂ : cornillons	♀ : mottes, ♂ : cornillons

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

Une autre variété appelée Samiia ou Mssamia qui se trouve dans la région de Souamea, Ouled Derradj (M'Sila), elle a un format plus grand que les autres variétés, et elle est excellente laitière. Elle est en train de dominer la région de M'sila.

**Tableau 1.** Caractéristiques des variétés de la race Ouled Djellal (Djaout et al., 2017).



**Photo 1.** Bélier Ouled Djellal à Biskra



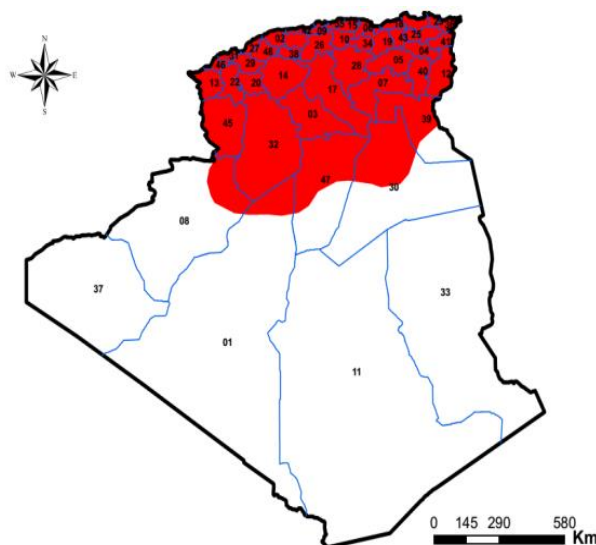
**Photo 2.** Bélier Ouled Djellal à Sétif



**Photo 3.** Brebis Ouled Djellal à Tiaret

La brebis Ouled Djellal se laisse traire facilement. La traite se fait surtout pendant le printemps. La production est de 70 à 80 kg en 6 mois de lactation (Chellig, 1992).

La race Ouled-Djellal qui constituait presque la moitié de l'effectif ovin algérien était répartie sur presque l'ensemble du nord du pays, essentiellement au centre et à l'Est (Chellig, 1992). Mais, 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, Rembi et D'men (Gaouar et al., 2005 ; Lafri, 2011).



**Figure 15.** Aire de répartition de la race Oued Djellal en Algérie (Chekkal et al., 2015)

## 2.2 Race Hamra(Deghma)et ses variétés

La race Hamra dite « Deghma » est autochtone d'Algérie, elle est dite Beni-Ighil au Maroc (Haut Atlas marocain) où elle est élevée par la tribu Béni-Ighil d'où elle tire son nom. Mais en Algérie cette race est connue sous le nom « Deghma » à cause de sa couleur rouge foncé.

Elle est très appréciée pour sa rusticité, mais surtout pour la saveur et la finesse de sa chair. Son effectif était estimé à 3 millions et 200 mille têtes au début des années 90 (Chellig, 1992) pour atteindre 500 milles en 2003 (Feliachi et al., 2003), ce dernier a beaucoup diminué

pendant ces dernières années. Cette diminution est due surtout à l'introduction massive, par les éleveurs, de la race Ouled-Djellal. Ce qui a abouti au remplacement dans le berceau de cette race par Ouled-Djellal (Gaouar et al., 2015a). Actuellement, la race Hamra est localisée surtout au niveau de la région ouest de la steppe jusqu'à la frontière marocaine au niveau des wilayas de Saïda, El Bayed et Tlemcen (Lafri., 2011).

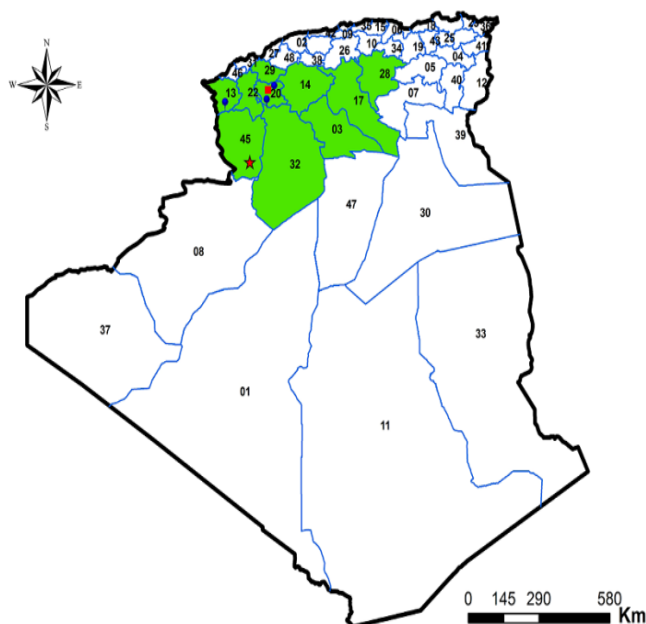
Le berceau de la race Hamra était étendu du Chott Chergui à la frontière marocaine (Chellig, 1992). Actuellement, la race Hamra est localisée surtout au niveau de la région Ouest de la steppe au niveau des Wilayas de Saïda, El-Bayed, Nâama et Tlemcen (**Figure 15**). Meradi et al. (2013) indiquent que la race Hamra pure n'existe qu'au niveau des institutions étatiques de préservation ITELv, CNIAAG et les éleveurs conventionnés avec l'ITELV. Mais notre enquête montre l'existence de cette race 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 race Ouled Djellal ou de race Berbère pour améliorer la qualité bouchère de ces dernières.

Les animaux sont de taille moyenne. Elle ressemble à la race marocaine Béni-Iguil (Boukhliq, 2002) et elle aurait la même origine (Chellig, 1992). La peau des animaux est brune, les muqueuses noires, les onglons noirs et la langue sont bleus. La laine est blanche, les spiralées souvent striées en noir, de taille moyenne chez les mâles, les femelles sont mottés (**Tableau 2**).

La race Hamra a une conformation idéale de mouton à viande, et une finesse remarquable de l'ossature. 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 sont intéressantes à utiliser dans un schéma de sélection avec la race Ouled Djellal.

Selon le degré de la couleur brune de la tête et des membres de cette race, nous avons enregistré trois types : Acajou foncé presque noir (**Photo 04**), acajou foncé (**Photo 05**) et acajou clair (**Photo 06**).

La brebis Hamra est caractérisée par une bonne aptitude à la traite, la production laitière chez la brebis Hamra se situe dans la catégorie moyenne avec un maximum de production situé entre 50 et 60 kg pendant 4 à 5 mois de lactation (Chellig, 1992).



**Figure 16.** Aire de répartition de la race Hamra en Algérie (Chekkal et al., 2015)

**2.3 Race Rembi :**

La race Rembi (nommée «Sagâa » dans la région de Tiaret). Historiquement, la Rembi occupait presque toute la région steppique de l’Est à l’ouest du pays et présente une meilleure adaptation à la steppe et parcours de montagne par rapport à la race Ouled Djellal grâce à sa grande rusticité. Ce mouton Rembi est particulièrement adapté aux régions de l’Ouarsenis et les monts de Tiaret.



**Photo 4.** Brebis Hamra à Mechria (Nâama)



**Photo 5.** Brebis Hamra à Mechria (Nâama)



**Photo 6.** Bélier Hamra à Saïda (ITELV)

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) (**Figure 16**). Cependant, actuellement et d'après notre enquête, son aire de répartition connaît un rétrécissement (**Figure 2**) à cause de l'extension en faveur de la race Ouled-Djellal. En effet, son berceau est devenu limité à la région centre ouest de l'Algérie au niveau de la Wilaya de Tiaret et Ain- Témouchent. Elle n'existe qu'à de faibles effectifs dans la région de Djelfa et Nâama chez quelques éleveurs, le centre de production de géniteurs (ITELv de Tiaret et centre de sélection des géniteurs à Aïn-Témouchent) et quelques fermes pilotes dans ces deux régions qui travaillent en coopération. Nous avons trouvé aussi cette race dans la région d'El-Kala et Illizi. Ce qui confirme que la répartition actuelle de nos races ovines locales est anarchique. De plus, son effectif qui était estimé à 2,2 millions de tête en 2003 (Feliachi et al., 2003), connaît aujourd'hui une diminution drastique et ne compterait plus actuellement qu'une dizaine des milliers d'animaux.

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 » :

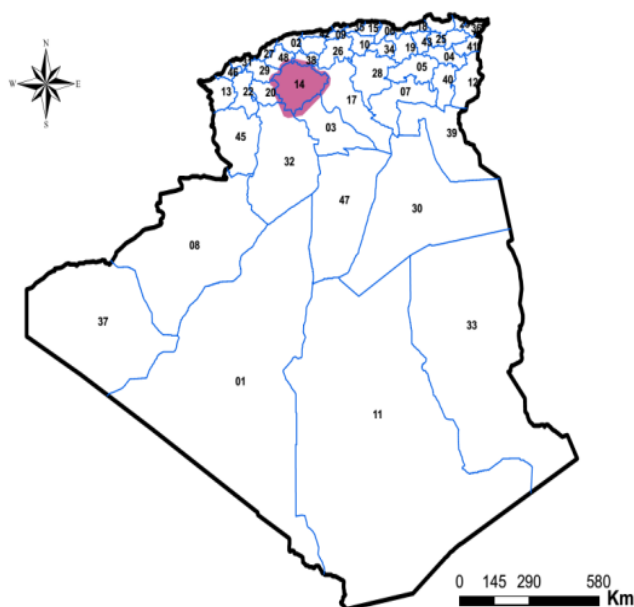
- Le mouton arabe à tête fauve ou sous-race « Rembi des Amour » **Photo 7**,
- Le mouton arabe à tête noire ou sous-race « Rembi de Sidi Aissa » **Photo 8**.

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 (Feliachietal., 2003). Ainsi ces derniers auteurs ont mentionné deux « types » dans cette race :

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

Le mouton Rembi présente pratiquement les mêmes caractéristiques morphologiques que la race Ouled Djellal (**Tableau 2**), sauf qu'il a une ligne dorsale un peu plus incurvée et les membres ainsi que la tête de couleur fauve (**Photo 7**) ou légèrement grisâtre (**Photo 8**) avec des oreilles moyennes et pendantes. La laine est blanche et couvre tout le corps jusqu'aux genoux et aux jarrets. Les béliers présentent des cornes volumineuses et spiralées (**Photo 8**), et les brebis peuvent présenter des cornes inclinées vers l'arrière.

		
<p><b>Photo 7.</b> Brebis Rembi à Djanet (Illizi)</p>	<p><b>Photo 8.</b> Bélier Rembi à El-Kala (El-Tarf)</p>	<p><b>Photo 9.</b> Tête à couleur rousse avec tache blanche à la nuque (d'où le nom Sagâa)</p>



**Figure 17.** Aire de répartition de la race Rembi en Algérie (Chekkal et al., 2015)

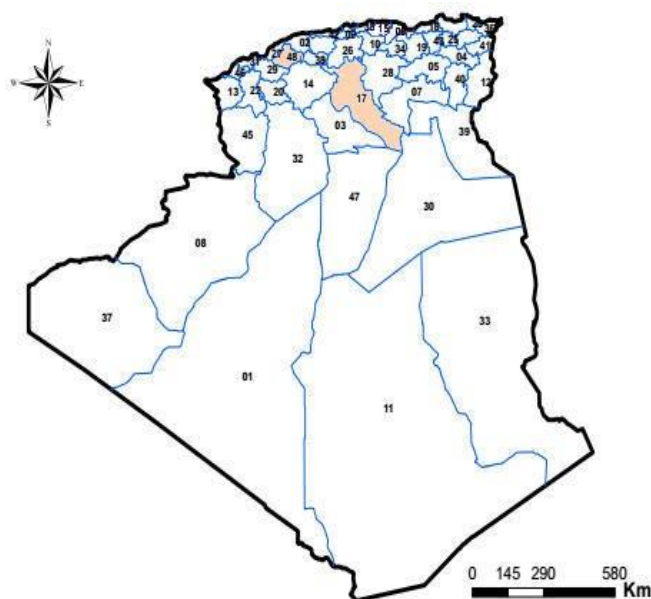
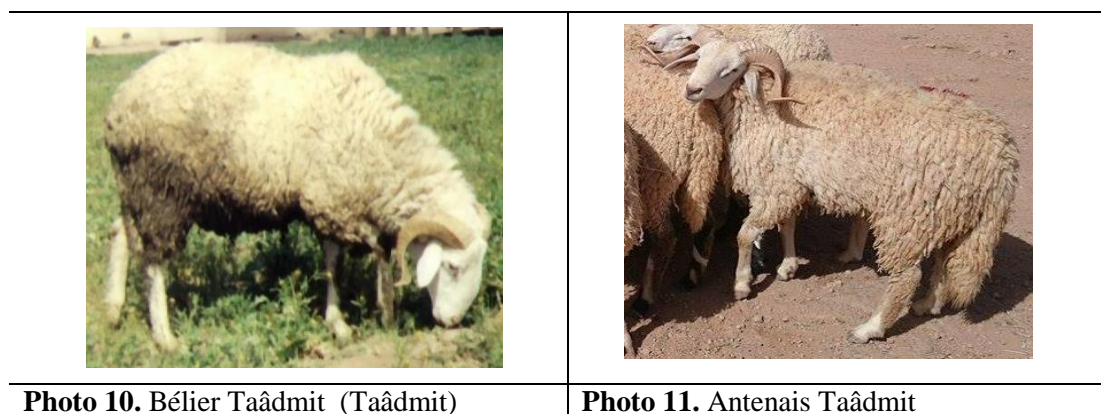
## 2.4 Race Taâdmit

La race Taâdmit a été remplacée par la race Ouled Djellal dans son berceau, elle a pour origine génétique un croisement entre le Mérinos et l'Ouled Djellal. C'est 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 de Taâdmit et un noyau de troupeau au niveau de la Station de recherche

INRAA de Hmadna (wilaya de Relizane) (**Figure 17**). Elle est en train d'être remplacée essentiellement par la race Ouled Djellal. Actuellement la production lainière de cette race reconnue une chute qu'est probablement due à la forte consanguinité qui sévit au sein du troupeau.

Ainsi, cette race se caractérise par une tête blanche avec un profil busqué et des cornes volumineuses chez le mâle avec 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 (**Photos 10 et 11**).



**Figure 18.** Aire de répartition de la race Taâdmit en Algérie (Djaout et al., 2017).

## 2.5 Race D'men et ses variétés

C'est une race saharienne des oasis du Sud-ouest algérien (Erg. Occidental et Vallée de l'Oued Saoura) et du Sud marocain (Chellig, 1992). Ces régions ont des liens historiques très étroits entre elles ce qui explique en grande partie la présence de la race D'men dans les deux localités (Bouix et Kadiri, 1975).



Ce qui n'est pas le cas ces dernières années vu l'isolement politique entre les deux pays, d'ailleurs l'étude moléculaire qui a été réalisée par Gaouar (2009) a prouvé une nette différence entre les deux populations. Une différence phénotypique existe aussi ; surtout concernant la répartition des couleurs sur le corps.

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-Menia (El-Goléa) et Adrar. 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 réalisée par 22 marqueurs microsatellites (Gaouar, 2009).

Après une série d'enquêtes, on a signalé que l'introduction de béliers de race Sidaoun et de races du Nord algérien, ces dernières années et leurs utilisations excessives comme reproducteurs par les éleveurs de la race D'men, a engendré un métissage intense de troupeau initialement de race locale D'men dans plusieurs oasis de la wilaya d'Adrar. Actuellement, seules les oasis éloignées des zones urbaines gardent des élevages purs de race D'men dans le Nord de la wilaya d'Adrar (Boubekeur et Benyoucef., 2012) **in (Figure 18).**

Sur le plan zootechnique, la race D'men est caractérisée par des aptitudes reproductives exceptionnelles telles que la prolificité élevée (200 %), la précocité sexuelle et la fertilité. La brebis D'men est apte à se reproduire durant toute l'année. Boubekeur et al. (2015 b) ont réalisé des agnelages sur les quatre saisons de l'année sur des brebis D'men dans la station INRAA d'Adrar. Les animaux D'men sont capables de profiter des noyaux de dattes, les éleveurs n'ont remarqué cette caractéristique sur aucune autre race. Ces caractéristiques sont importantes à prendre en considération dans un plan de sélection par introgression entre la race D'men et la race Ouled Djellal par exemple. Ce qui mettrait en valeur ce sous-produit de la palmerait et diminuerait le coup de revient de l'alimentation.

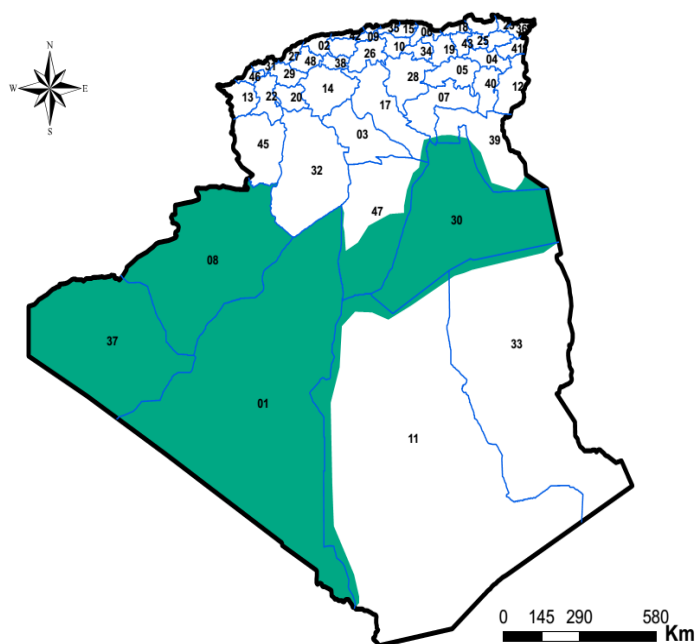
On parle d'introgression, car la qualité de la viande de la race D'men de Béchar est de mauvaise qualité. Mais sur un échantillon de 22 éleveurs de la race D'men, Boubekeur et Benyoucef (2012) ont conclu que la viande de mouton D'men est de bonne qualité et a un goût sucré à cause de l'utilisation des dattes dans l'alimentation des animaux D'men.

Les animaux étudiés présentent de grandes variabilités morphologiques. L'animal D'men est de petite taille et d'un squelette fin, à tête fine, étroite et à profil busqué, on note l'absence des cornes chez les deux sexes, néanmoins les agneaux mâles naissent avec des ébauches qui tombent à l'âge de 3 mois, un cou long et mince où l'absence de pendeloques, la présence

d'une tache blanche sur le front des animaux avec et la queue longue à bout blanc sont les caractères dominants chez la race D'men.

Tous les types de pigmentations sont admis toutefois les plus répandus sont :

1. **Le type multicolore** : cette variété présente plusieurs combinaisons de couleurs (noire, brune, blanche et rousse) (**Photo 12**).
2. **Le type acajou ou brun (d'Adrar)** : La tête, les membres et la toison sont de couleur acajou foncé. La laine présente des reflets acajou plus au moins prononcés (**Photo 13**).
3. **Le type noir (de Béchar)** : 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 (**Photo 14**). Ce type ressemble phénotypiquement à une variété de la race D'men au Maroc (Boukhliq, 2002).



**Figure 19.** Aire de répartition de la race D'men en Algérie (Chekkal et al., 2015).

## 2.6 Race Sidaoun

Cette race s'appelle aussi Targuia parce qu'elle est élevée par les Touaregs qui vivent 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) (**Photos 19 et 20**). Elle avait un effectif qui était estimé à 25.000 têtes (Chellig, 1992). Aujourd'hui, selon Djaout et al. (2017) cette race a connu un accroissement considérable sur son effectif 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 (**Figure 19**). Elle occupe la quasi-totalité du Sud Algérien et durant notre enquête on a trouvé quelques têtes de cette race dans la région de Laghouat.

Cette race est interdite dans les régions de la steppe et du tell du fait qu'elle nous parvient du Sahel, elle est considérée par les services vétérinaires comme un porteur sain de bon nombre de parasites. (Gaouar, 1998 ; non publier)

Le mouton Sidaoun ressemble à une chèvre sauf qu'il a une queue longue et un bêlement de mouton (**Tableau 2**).

- Son corps est de couleur noire, paille clair, blanc ou présentant un mélange de deux couleurs (**Photos 15, 16 et 17**), avec des variétés dans la répartition des taches.
- Les cornes chez le mâle sont soit absentes soit se présentent sous forme courbée et de petite taille (**Photo 17**).
- La queue est mince, très longue presque au ras du sol, et elle présente une extrémité blanche (**Photo 18**).



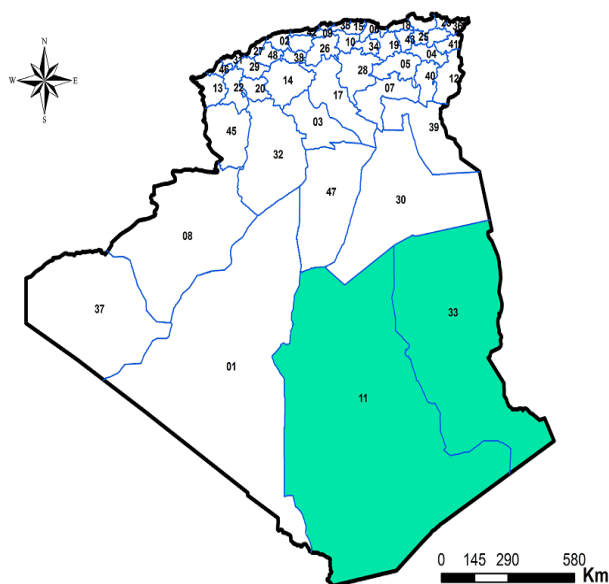
**Photo 15.** Bélier Sidaoun à Djanet (Illizi).



**Photo 16.** Bélier Sidaoun à Djanet (Illizi).



**Photo 17.** Bélier Sidaoun à Djanet (Illizi).



**Figure 20.** Aire de répartition de la race Sidaoun en Algérie (Chekkal et al., 2015).



**Photo 18.** Brebis Sidaoun à Laghouat



**Photo 19.** Bélier Dubasi du Soudan



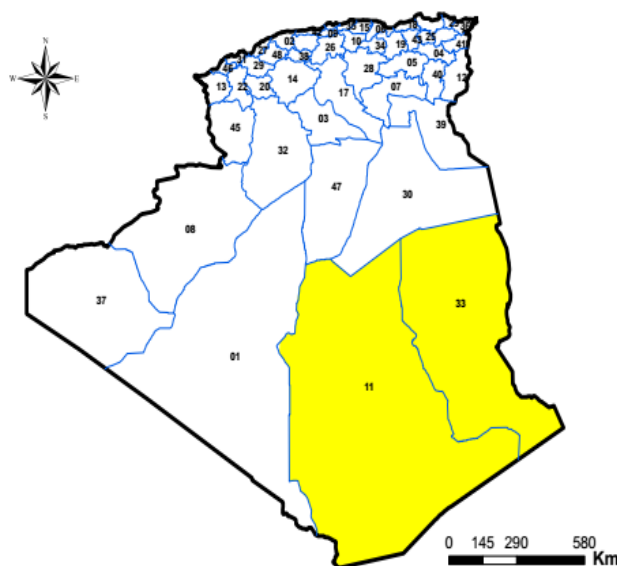
**Photo 20.** Bélier Nili du Soudan

## 2.7 Race Ifilène et ses variétés

La race Ifilène est originaire du Mali, du Niger et du Nigeria (Race Uda) (**Photo 23**), elle est exploitée essentiellement par la population Touareg (**Figure 20**). Cette race est haute sur pattes et elle se caractérise par un chanfrein busqué chez les deux sexes, des oreilles longues et tombantes contrairement à la Sidaoun qui a des oreilles courtes, un corps longiligne, de couleur blanche noire ou marron et parfois un mélange de deux couleurs. L'animal est haut sur pattes avec des membres longs, une queue moyenne, le bélier a des cornes très volumineuses enroulées en spirale et les brebis sont mottes.

C'est une race à poils, sa viande est appréciée par les éleveurs contrairement à la viande de la race Sidaoun et D'men. Nous avons remarqué deux types de cette race selon la couleur du corps :

- Unicolore (blanche, marron ou noire : **(Photo 21)** et
- Bicolore (noire et blanche ou marron et blanc : **(Photo 22)**).



**Figure 21.** Aire de répartition de la race Ifilène en Algérie (Chekkal et al., 2015).

## 2.8 Race Berbère

C'est la plus ancienne race algérienne, dite « Berbère à laine azoulaï », c'est une race en voie d'extinction, elle est localisée dans les montagnes de Bouhadjar et de Souk Ahras, dans la région d'El-Tarf, Annaba et au niveau des frontières Algéro-Tunisiennes et à Tlemcen (**Figure 21**). Elle est nommée « A'arbia » par les éleveurs parce qu'ils croient qu'elle est la plus ancienne des races algérienne et originaire de cette région, 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.

Selon la bibliographie, l'aire de répartition de la race Berbère est au niveau de la chaîne montagneuse du Nord Algérien (Souk Ahras, Maghnia, Tlemcen, Jijel (Collo), Edough, Ouarsenis, et les montagnes de Tiaret (Chellig, 1992). Mais notre enquête dans la région montagneuse de Jijel et les montagnes de Tiaret montre que cette race est absente de ces régions et ce fait remplacée par la race Ouled Djellal et Hamra. La disparition de cette race est aussi due à la disparition de la tradition de fabrication du burnous qui nécessite en partie la laine azoulai pour sa conception.

C'est un animal de petite taille à laine mécheuse blanc brillant (Azoulai), robuste, de couleur généralement blanche, marron, peut-être noire ou un mélange de couleur marron et blanc ou noir et blanc. La tête est courte, concave, fine avec des oreilles moyennes, fines et horizontales. La laine est longue et blanche parfois mélangée de marron et noire, non frisée, toison ouverte largement retombante. **(Photo 24)**

Selon les éleveurs, elle est bonne laitière. 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.

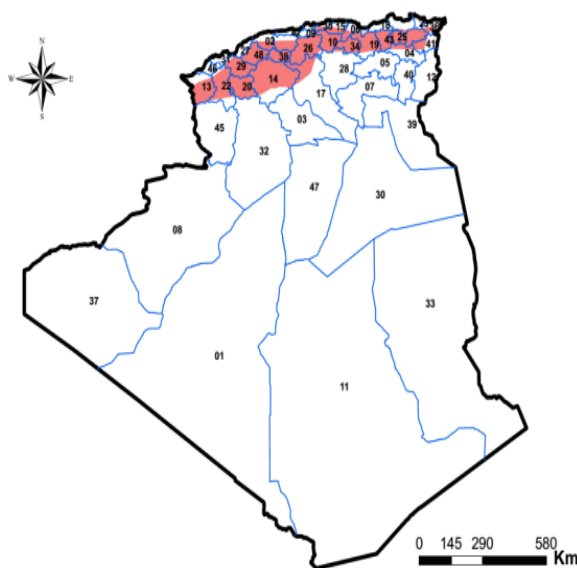
Lors d'une sortie sur terrain en Sicile dans la région de Vallé del Belice on a remarqué la présence d'une race (Vallé del Belice, **Photo 25**) qui ressemble beaucoup à notre race Berbère, selon les éleveurs cette race a été créée il y a environ 100 ans et serait le résultat d'un croisement entre plusieurs races (02 mâles de l'île de Malte, la race S'arda, la race Comissana et les races autochtones de l'Ouest de la Sicile), le caractère lunette lui aurait été transmis par les mâles de l'île de Malte. Cette race Sicilienne est aussi connue pour sa très bonne production laitière, d'ailleurs son lait est à l'origine de produit d'origine contrôlée). De plus la race Sicilio-Sarde qui a été introduite par les colons pour être couplée à la production de céréales (Rouissi, et al., 2001) ressemble elle aussi à notre race Berbère.



**Photo 24.** Brebis Berbère des montagnes de Bouhadjar



**Photo 25.** Brebis Vallé del Belice (Sicile, Italie) (Gaouar, 2009)



**Figure 22.** Aire de répartition de la race Berbère en Algérie (Chekkal et al., 2015).

## 2.9 Race Barbarine et ses variétés

La race Barbarine ou appelée race d'Oued Souf (nommée « Guebliya ») dans cette région présente actuellement des effectifs qui sont influencés par le développement de la race Ouled Djellal dans cette région (**Figure 22**). 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 subite une forte migration vers la Tunisie. Les troupeaux ne comportent au maximum que 20 à 30 têtes par éleveurs.

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 perdu 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).

Selon Skouri et al. (1969) et dans le Sud tunisien, les ovins Barbarins perdent jusqu'à 40 % de leur poids en période de sécheresse tout en restant fertiles, ce qui s'expliquerait par la faculté de puiser de l'énergie dans leur réserve caudale (FAO, 1977). Sa viande fortement imprégnée de suint n'est guère appréciée.

Ils existent à l'intérieur de cette race deux groupes :

- **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 (**Photo 26**)
- **Type à toison ouverte** à mèches longues et pointues (influence orientale), c'est le type élevé dans l'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 (**Photo 27**), légèrement marron ou noirs. Ce type présente une queue demi-grasse.

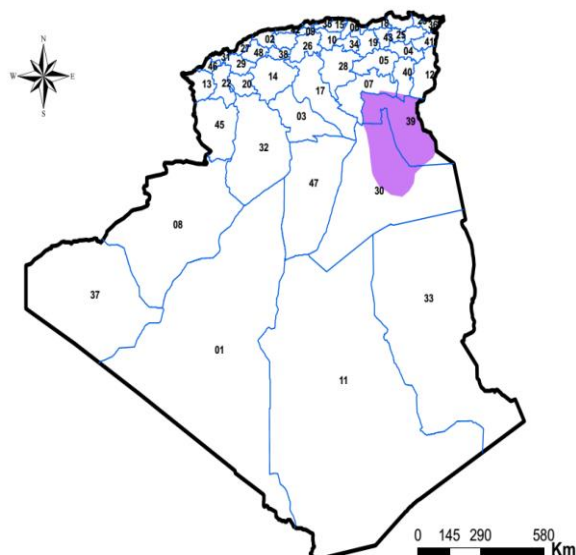


**Photo 26.** Brebis Barbarine aux Sahara de Oued Souf



**Photo 27.** Bélier Barbarine à l'ITELV Saïda





**Figure 23.** Aire de répartition de la race Barbarine en Algérie (Chekkal et al., 2015).

### 2.10 Race Tazegzawt ou Ham (bleue)

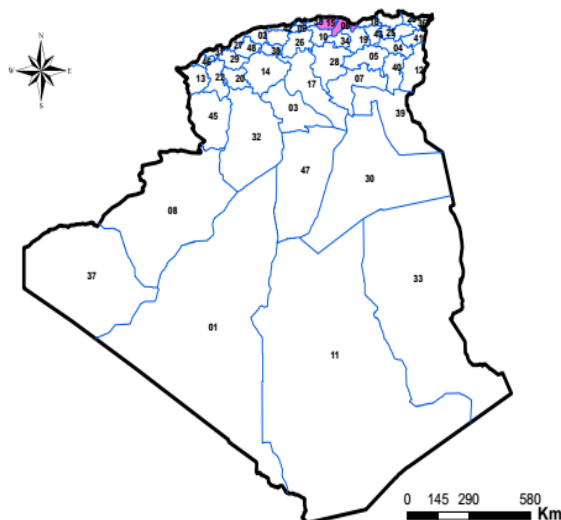
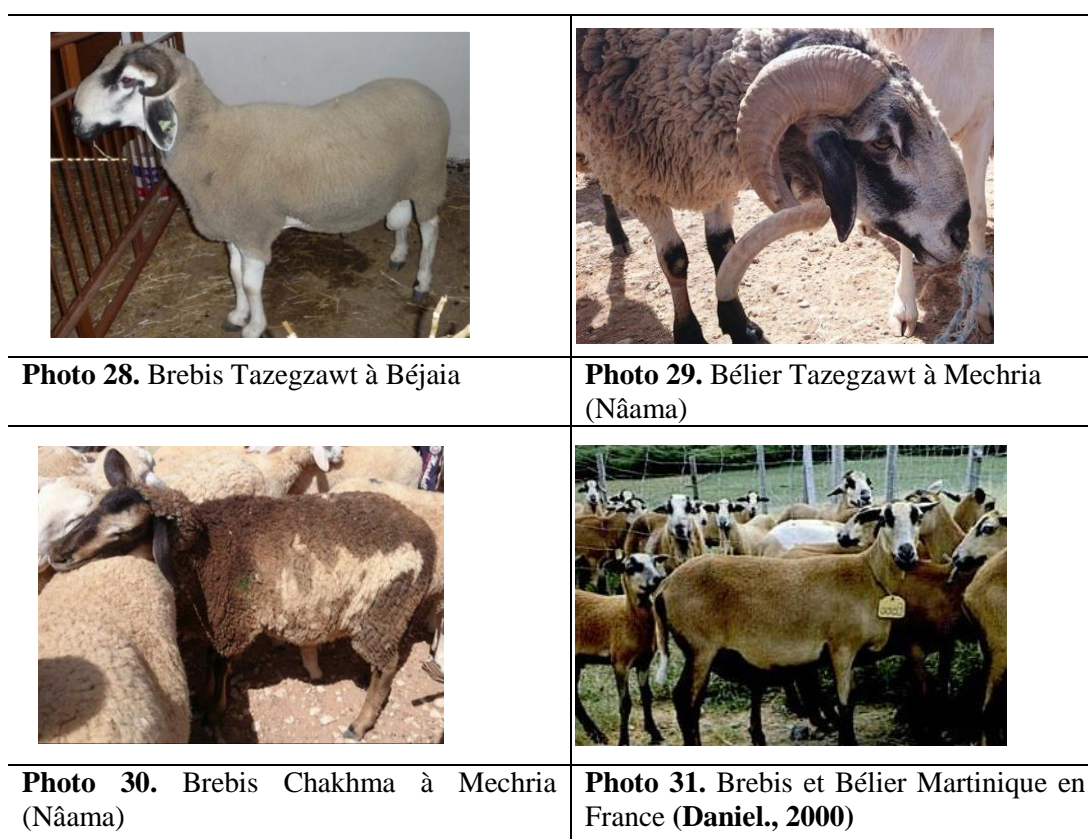
Son poids peut dépasser 30 kg à 6 mois. Tazegzawt se rencontre principalement dans les wilayas de Bejaia et de Tizi-Ouzou. Son effectif représente moins de 0,02 % du cheptel national. Elle est menacée par les croisements non contrôlés avec les autres races (**Figure 23**).

La race bleue est dite Tazegzawt en Kabylie et dite Ham dans la région de Mechria (Nâama). Elle présente des pigmentations noires bleuâtres au niveau des yeux, des lobes des oreilles, du museau et de la mâchoire inférieure. Cette race est haute sur pattes avec un corps longiligne avec une laine blanche et semi-envahissante (**Photo 28**). Les béliers ont des cornes massives enroulées en spirale (**Photo 29**). Les pendeloques existent chez la plupart des animaux. Selon Moula (2003), cette race a longtemps été ignorée par la communauté scientifique et n'est pas encore répertoriée officiellement. On l'a trouvée dans différentes régions du pays, mais elle est plus fréquente :

- Au niveau des montagnes de la Kabylie (Tizi Ouzou et Bejaia au niveau de régions dont l'altitude est de 1200 m) où elle ne présente qu'un très faible effectif (au maximum 300 animaux). Cette race fait l'objet de plusieurs projets de recherche (Moula, 2015 ; El-Bouyahiaoui, 2015) (**Photo 28**). Dans cette région, les mammites sont fréquentes chez les brebis, alors que l'hernie inguinale est fréquente chez les béliers.
- Au niveau de la région de Mechria (Nâama) où les éleveurs donnent le nom « Ham » à cette race qui signifie la couleur bleue (**Photo 29**). Cette race existe chez plusieurs éleveurs (au moins 400 animaux). Il existe aussi une variété de la race Tazegzawt qui est

dite « Chakhma », c'est une variété qui a la combinaison de trois couleurs (blanc, marron et noire ou bleu) au niveau de la peau (tête et pattes) et de la laine (**Photo 30**).

- Alors que dans la région de Tlemcen, les éleveurs pensent que c'est une variété de la race Sardi ou Srandi. Elle est présente à de faibles effectifs (3 à 5 têtes) chez quelques éleveurs.
- La coloration de la tête et des pattes de la race Tazegzawt ressemble à celle de la race Martinik (**Photo 31**), qui est une race française d'origine africaine, mais la robe de cette dernière ressemble beaucoup plus à celle d'une chèvre qu'à une toison de mouton. (Daniel., 2000)



**Figure 24.** Aire de répartition de la race Tazegzawt en Algérie (Chekkal et al., 2015).

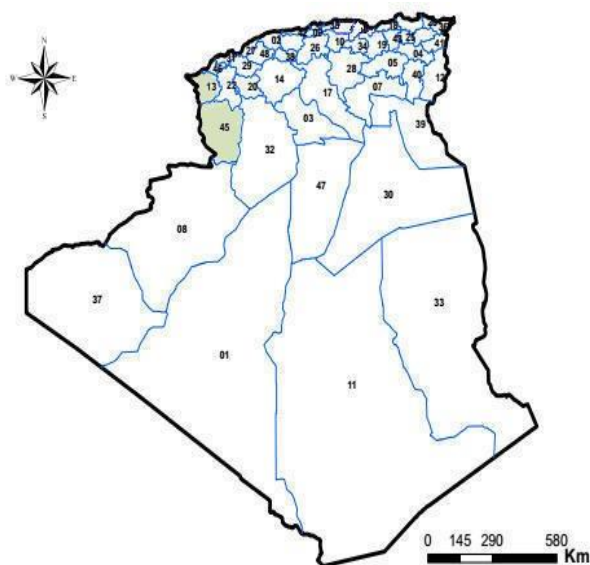
## 2.11 Race Srandi ou Sordi ou Sardi et ses variétés

La race Srandi avec son homologue Sardi du Maroc, la race Ripollesa de l'Espagne et la race française Causses-du-Lot, existe sur le territoire algérien, avec un effectif assez important dans les régions à proximité des frontières algéro-marocaines, son origine n'est pas vraiment définie. Cette race est très convoitée par les éleveurs et les citoyens dans cette région particulièrement au moment de l'Aïd al-Adha (**Figure 24**).

Elle présente une tête blanche dépourvue de laine avec des taches noires autour des yeux, du museau, des extrémités des oreilles, des pattes et au niveau des articulations (genoux et jarrets). Ce phénotype lui confère l'appellation de « race à lunettes ». (Chikhi et Boujenane, 2005)

Le chanfrein est légèrement busqué chez le mâle, rectiligne chez la femelle. Les cornes absentes chez la femelle et présentes chez le mâle, mais avec une taille moins importante de celles de la race Sardi du Maroc. La laine est fermée à semi fermée. La hauteur au garrot de ces animaux varie de 70 cm à 80 cm avec un poids corporel de 50 à 70Kg. La queue des animaux est moyenne ou courte c'est le principal caractère qui différencie entre la Srandi de l'Algérie et celle du Maroc où cette dernière a une queue longue (Boujenane, 1999 ; Boukhliq, 2002 ; MADRPM/DERD, 2007 ; Chikhi et Boujenane 2005)

- Des animaux qui ont des lunettes noires et des taches noires autour du museau et des extrémités des oreilles et des pattes (c'est le type même du Maroc (MADRPM/DERD, 2007) avec une queue moyenne ou courte) (**Photo 32**)
- Des animaux qui ont les mêmes caractères que la première variété sauf que la couleur des tâches est marronne (**Photo 33**). Selon Boukhliq, 2002, ces taches de couleur marron sont considérées comme des caractères éliminatoires pour la race Sardi marocaine.
- Des animaux qui ont des taches noires étendues autour des yeux (**Photo 34**), ces tâches couvrent presque la totalité de la tête, avec des pigmentations noires autour des extrémités des oreilles et des pattes.



**Figure 25.** Aire de répartition de la race Srandi en Algérie (Djaout et al., 2017)

### 2.12 Race Dâraa ou race noire

Cette race existe dans tout le territoire algérien, mais à de faibles effectifs, elle se trouve dans les troupeaux mélangés avec d'autres races, elle ressemble beaucoup à la race française noire du Velay (**Photo 36**) (Daniel., 2000), la race tunisienne noire de Thibar (**Photo 37**) et à une variété de la race D'men décrite par Boukhliq, (2002) et MADRPM/DERD, (2005). On estime son effectif entre 02 et 05 % du cheptel. Elle est caractérisée par une tête et des membres entièrement noirs (d'où son nom Dâraa) avec une laine fermée ou semi-fermée de couleur marron (**Photo 35**). La laine de cette race est utilisée pour la fabrication du Bernousse. La tête est courte et fine, le chanfrein est rectiligne, les membres sont fins, la queue est moyenne ou longues, les cornes sont absentes chez les femelles, mais elles peuvent exister chez les mâles.

D'après les éleveurs le résultat du croisement entre la race Ouled Djellal et la race Hamra donne naissance à des animaux appelés Dâraa qui ont la peau noire (tête et membres) et une laine blanche avec des tâches noires ou marron surtout au niveau des épaules. Selon Kanoun et al. (2008), ce type est appelé « Bakâa » dans la région de Djelfa.



**Photo 35.** Brebis Dâraa dans la région de Tlemcen



**Photo 36.** Brebis Française noire du Velay (**Daniel., 2000**)



**Photo 37.** Bélière Noire de Thibar à Zaghouène. Tunisie

**Tableau 2.** Un tableau récapitulatif met en évidence les performances et les reproductivités des races ovines algériennes

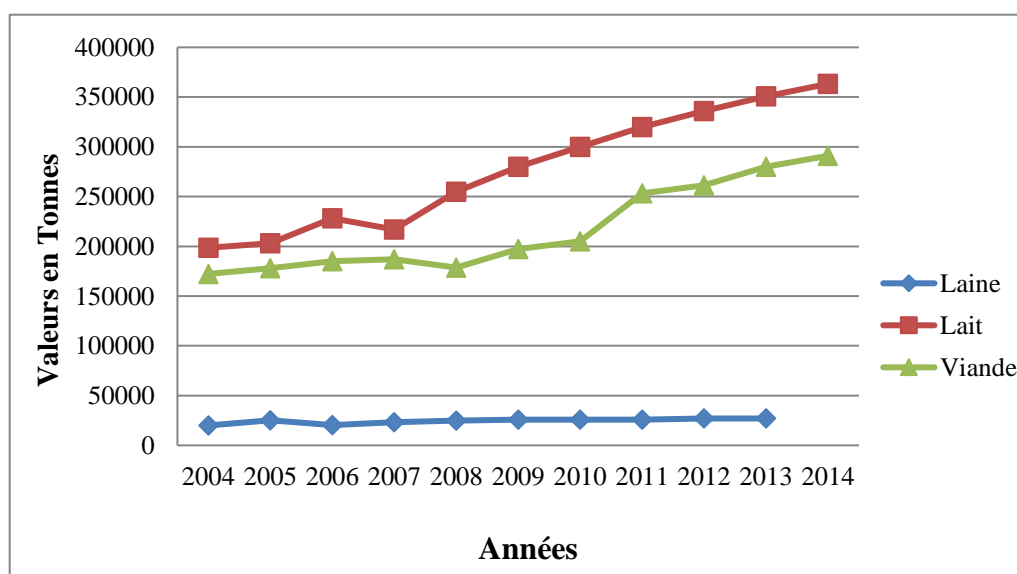
Nom de Race	Couleur*	Laine*	Aspect du Queue*	Poids vifs (Kg) **		Hauteur au garrot (Cm) **		Production laitière (Kg) (durée de lactation) **	Utilisation**
				M	F	M	F		
<b>Ouled Djellal</b>	Peau blanche	Blanche	Fine et moyen	81	49	84	74	70-80 (180 jours)	Lait, laine et viande
<b>Hamra</b>	Peau brune	Acajou (rouge foncé)	Fine et moyen	71	40	76	67	50-60 (150 jours)	Viande et laine
<b>Rembi</b>	Peau brune	Blanc	Moyen	80	62	77	71	55-65 (180 jours)	Viande et laine
<b>Berbère</b>	Généralement blanc	Brillant et blanc	Moyen	45	37	65	60	50-60 (180 jours)	Lait et laine
<b>Barbarine</b>	Blanc	Blanc	Moitié grasse	45	37	70	64	40-50 (180 jours)	Laine, lait et viande
<b>Sidaoun</b>	Multicolore	Cheveux (noir, marron et blanc)	Moyen	46	37	75	60	70-80 (180 jours)	Viande et lait
<b>D'men</b>									
<b>Taâdmit*</b>	Peau blanche	Blanche	Fine et moyen	-	-	-	-	-	Lait, laine et viande
<b>Ifilène</b>	Multicolore	Cheveux (multi)	Moyen	-	-	-	-	-	Viande et laine
<b>Tazegzawt</b>	Blanc avec des patchs bleus noirs	Blanc	Moyen	80	60	87	79	-	Lait et la viande
<b>Dâraa</b>	Noir	Marron	Fine et moyen	-	-	-	-	-	Viande et laine
<b>Srandi</b>	Blanc	Blanc	Moyen ou court	70	50	80	70	-	Viande et laine

\*(Djaout et al., 2017) ; \*\* (Chekkal et al., 2015)

### 3. Productions ovines en Algérie

La filière de la production de la viande ovine reconnue avec quelque 27 millions de têtes dont est composé le cheptel ovin (**Figure 25**), l'Algérie est classée au 5ème rang mondial en matière de production de la viande ovine, derrière la Chine 24 %, l'Australie 8 %, la Nouvelle-Zélande 5 % et le Soudan 4 %. Des pays comme le Royaume-Uni, l'Inde et la Turquie se positionnent à la même place que l'Algérie avec un taux de 3 % chacun de la production mondiale de viande ovine (FAO stat, 2014). En revanche, c'est au niveau de la consommation que l'Algérie connaît des contreperformances dans ce créneau.

En effet, selon le même bilan, l'Algérie ne figure pas sur la liste des pays consommateurs de la viande ovine qui reste prédominée par l'Arabie saoudite avec 278 000 tonnes/an et la Turquie avec 158 000 tonnes/an, pour ce qui est de la région Afrique du nord et Moyen-Orient. Laquelle situation amène à relever les faibles incidences sociales de la croissance exceptionnelle de la filière ovine en Algérie qui est passée de 19 millions têtes en 2005 à 26 millions têtes en 2015. En effet, la viande ovine reste inaccessible pour une grande partie des ménages algériens aux revenus moyens et faibles avec des prix en constante hausse se situant dans la fourchette de 1200 à 1800 DA/kg.



**Figure 26.** L'évolution de tonnage de la production ovine (viande, lait et laine) (FAO stat, 2014).

La production de lait de brebis laitières est souvent enregistrée comme après la tétée des agneaux pendant quatre à huit semaines, contrairement à la pratique pour les chèvres laitières ou les bovins (Giambra, 2011). Dans le cas de l'Algérie, le système de la production de lait de brebis en vue d'une consommation humaine dépend essentiellement de l'année (pluviométrie) (Ayachi, 1992), donc :

- (i) En bonne année, c'est-à-dire automne et printemps pluvieux, les brebis sont traitées systématiquement durant toute la phase d'allaitement et même après le sevrage des agneaux. La traite est pratiquée matin et soir, avant le départ aux pâturages et aussitôt le retour du troupeau. Le sevrage est précoce (un mois),
- (ii) En année moyenne, les brebis traitées sont de catégories :
  - Les brebis ayant perdu tôt leurs agneaux pour différentes causes (Mortalité périnatale, agneau adopté par une autre brebis).
  - Les brebis, dont les produits, sont sevrées.
- (iii) En fin, en année mauvaise, la pratique de la traite est pratiquement impossible (la survie aussi bien de la mère que de son produit).

La production lainière demeure très faible et très stable au cours de dernières années avec une production annuelle de 27 000 tonnes en 2013 (**Figure 25**), cette faiblesse en rendement est due probablement à l'absence de toute une stratégie industrielle mise en place par l'état pour restaurer cette filière qui présente une très importance dans la fabrication des fibres naturelles ainsi la production et la transformation de la laine représentent des éléments importants de la vie socio-économique des régions rural



---

**PARTIE**  
**EXPÉRIMENTALE**

---

## CHAPITRE I. MATÉRIELS ET MÉTHODES

### 1. Principe d'échantillonnage

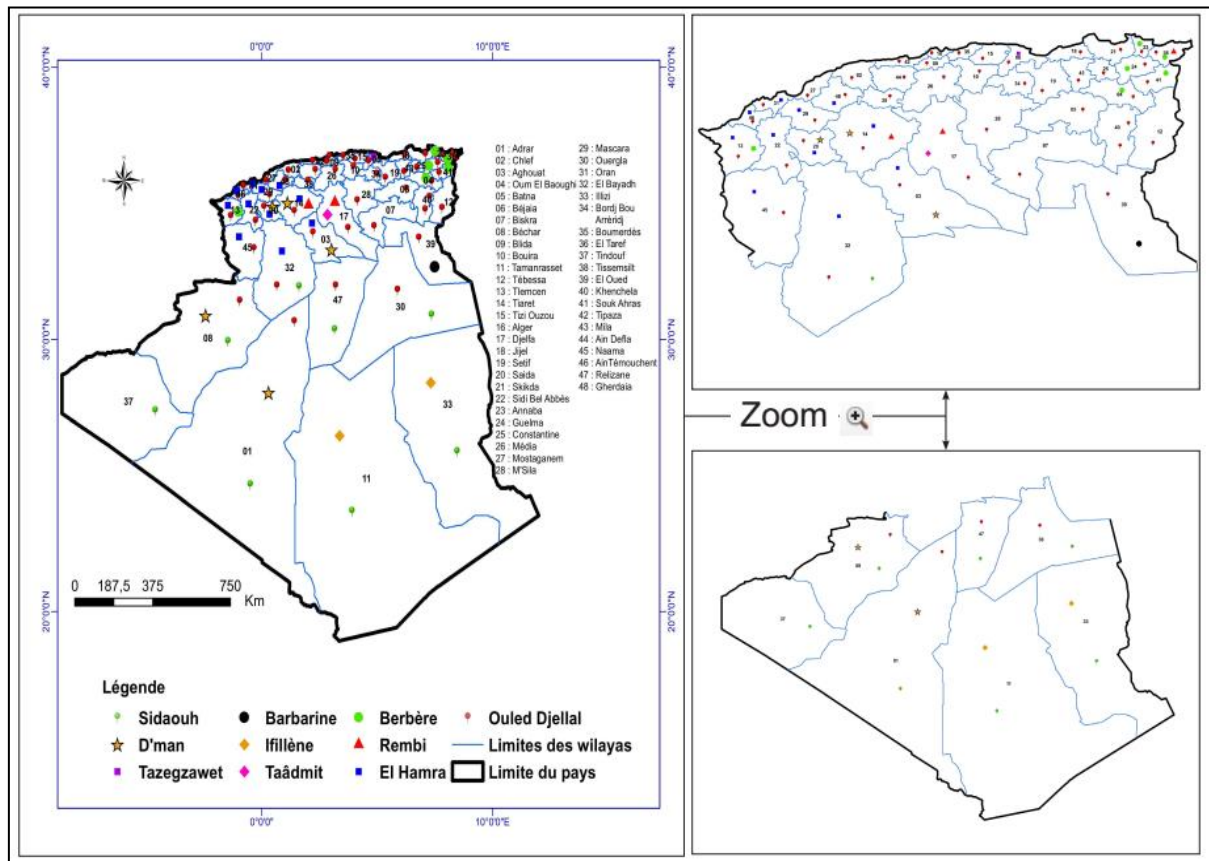
La collection d'échantillons est la première et la plus importante étape de toute étude sur la diversité génétique des animaux d'élevage à partir de marqueurs moléculaires. Tout d'abord, il est bien connu que la précision des résultats dépend de la taille de l'échantillon. De plus, les résultats peuvent 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 porte alors risquent d'être surreprésentés.

Généralement, un échantillon de 20 à 50 individus par race devrait être choisi, de telle sorte qu'ils soient non apparentés. Cependant, le nombre d'individus échantillonnés peut varier selon le cas, il peut être même plus faible dans le cas d'une population locale hautement consanguine, et plus élevée dans le cas d'une population largement répandue, divisée enécotypes différents (Nei et Roychoudhury, 1974; Nei, 1978). En principe, l'échantillonnage devrait être représentatif des populations que l'on veut étudier. L'utilisation d'un critère géographique est vivement recommandée, c'est-à-dire collecter un seul animal ou très peu d'animaux (non apparentés) par troupeau provenant d'un certain nombre de troupeaux répandus sur une zone géographique étendue (Parker et al, 2004).

### 2. Effectifs raciaux et échantillonnage

Dans le cadre de ce travail de recherche, une enquête sur le terrain a été menée afin de caractériser l'ensemble de la population ovine locale. Ainsi, nous avons pu collecter des données concernant les caractéristiques de chaque race ; morphobiométrie, distributions géographiques, le mode d'élevage en général et leurs environnements de production, ces données font objet d'une étude de thèse de doctorat en science.

Cette première étape d'échantillonnage a été faite suite à plusieurs missions planifiées à travers le territoire national, où 40 wilayas (représentant 83,33 % du territoire national) ont été visitées (excepte : Chlef, Blida, Bouira, Alger, Tipaza, Aïn Defla, Tissemsilet et Boumerdès) parmi les 48 existant en Algérie, et ce de l'année 2004 à l'année 2015 (**Figure 26**).



**Figure 27.** Carte des sites visités durant l'échantillonnage pour les 12 races ovines en Algérie

Cette enquête a été assurée grâce à des contacts avec différentes directions des services agricoles (DSA), les instituts techniques des élevages (ITElv), Haut-Commissariat au Développement de la Steppe (HCDS), l'institut technique du développement de l'agriculture saharienne (ITDAS), la direction des conservations des forêts et les éleveurs, est basé d'autre part sur un questionnaire. L'identification raciale (avec prise de photos) a été faite à la base de certains critères phénotypiques : couleur de la peau (tête et pattes), couleur de la laine, l'état d'entoisonnement, la présence ou l'absence des cornes, le format de l'animal.

Chez 245 éleveurs, nous avons examiné 14000 têtes ovines, où 303 échantillons sanguins ont été prélevés : 41 Ouled Djellal (**OJ**), 43 Rembi (**RB**), 30 Hamra (**HR**), 25 Berbère (**BR**), 21 Barbarine (**BB**), 30 Sidaouh (**SD**), 19 D'men (**DM**), 30 Taâdmit (**TD**), 30 Tazegzawt (**TG**), 11 Ifilène (**IL**), 13 Srandi (**SR**), 10 Dâraa (**DR**). Les effectifs regroupés par race, effectifs échantillonnés et la région (Par commune et wilaya) d'où le prélèvement a été réalisé sont représentés dans le **tableau 3**. Pour chaque échantillon, 10 ml de sang a été prélevé par animal au niveau de la veine jugulaire dans des tubes contenant de l'anticoagulant EDTA. Sur ces tubes les informations suivantes ont été transcrites : race, sexe, région et date de prélèvement.

**Tableau 3.** Informations sur les sites d'échantillonnage et effectifs des animaux échantillonnés

N°	Races		Localisations		Date de prélèvement	Wilayas
	Appellation	Nombre total	Nombre détaillé	Région		
1	Ouled Djellal (OD)	41	10	Sidi Khaled	15.09.2013 et 31.01.2015	Biskra
			6	Itelv Ain Mlila	17.03.2014	Oum Elbouaghi
			6	Mezloug	18.06.2013	Sétif
			3	Tolga	10.05.2015	Biskra
			9	Nedroma	05.07.2015	Tlemcen
			1	Ghazaouet	2015	
			1	Tiaret	2015	Tiaret
		5	Itelv Ain Mlila	1999	Oum Elbouaghi	
2	Rembi (RB)	43	7	Ferme Hayder (Madroussa)	20.06.2013	Tiaret
			6	ITELV Ksar Chellala	12.06.2013	
			7	Ferme Abdelkrim (Mahdia)	20.06.2013	
			1	Mechria	/	Naama
			2	Lahchichiya	/	Sétif
			1	El-Kala	/	El-Taref
			13	Ain Tolba	14.06.2015	Ain Timouchent
		6	Kssarchellala	2000	Tiaret	
3	Hamra (HR)	30	6	Mechria	10.06.2015	Naama
			1	AinTimouchent	09.06.2015	AinTimouchent
			1	Boukanoune	16.05.2015	Tlemcen
			5	ITELV (Ain Hadjer)	13.12.2015	Saïda
			17	ITELV (Ain Hadjer)	1998	Banque gènes (Usto-Oran)
4	Berbère (RB)	25	7	El-Hanachir	27 et 01/2014	El-Tarf
			2	El-Matroha	23.02.2014	
			13	El-Kala	19, 23 et 25. 02. 2014	Skikda
			3	Boumaiza	25.02.2014	
5	Barbarine (BB)	21	14	Taleb El-Arbi	18.03.2014	Oued Souf
			7	ITELV (Ain-Lahdjer)	13.12.2015	Saïda
6	Sidaoun (SD)	30	5	Djanet	Avril 2015	Illizi
			25	Tamanrasset	2004	Tamanrasset
7	D'men (DM)	19	13	l'ITDAS (Abadla)	2001	Bechar
			5	Ferme Privé	2015	Adrar
8	Taâdmit (TD)	30	30	ferme pilote de Taâdmit	2000	Djelfa
9	Tazegzawt (TZ)	30	2	Sedrata	09.08.2015	Souk Ahras
			1	Tolga	10.05.2015	Biskra
			3	Mechria	10.06.2015	Naama
			24	Station INRAA Oued Ghir	2014	Bejaïa
10	Ifilène	11	11	Djanet	Avril 2015	Illizi
11	Srandi	13	3	Boukanoune	16.05.2015	Tlemcen
			1	Nedroma	2015	
			4	Sedrata	09.08.2015	Souk Ahras
			3	Mechria	10.06.2015	Naama
			1	Lahchichiya	04.06.2015	Sétif
			1	Nedroma	2015	Tlemcen
12	Dâraa	10	2	Boukanoune	16.05.2015	Tlemcen
			2	Sedrata	09.08.2015	Souk Ahras
			2	Lahchichiya	04.06.2015	Sétif
			2	Mechria	10.06.2015	Naama
			1	AinTimouchent	2015	AinTimouchent
<b>Total</b>			<b>303</b>			

### 3. Méthode d'extraction de l'ADN génomique

Dans notre travail, l'extraction d'ADN génomique à partir du sang total a été réalisée par la technique de NaCl « Salting out » (Miller et al., 1988) au niveau du laboratoire de Physiopathologie et biochimie de la nutrition (PpBioNut) de l'université de Tlemcen. Cette méthode est simple, peu coûteuse et très rentable en matière d'ADN extrait.

Dans un premier temps, l'échantillon du sang nécessite 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 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 : 10 mM ; EDTA : 1 mM ; pH=8.0) (**Annexe 1**).

Les ADNs extraits sont dans un premier temps rangés dans des tubes étiquetés selon la race et de la région de prélèvement, puis nous avons effectué un aliquotage sur l'ensemble des échantillons, dans lequel nous avons pris 50 µl d'échantillon d'ADN à partir de la solution mère (100 % concentré) pour ultérieurement tester leur qualité.

### 4. Contrôle de la qualité d'ADN et dilution

Cette étape ainsi que toutes les étapes suivantes ont été réalisés au niveau du laboratoire d'analyse génétique à l'université ADNAN MANDERES, Aydin, Turquie, et ce dans le cadre d'un stage de courte durée (rendus possible grâce à une convention entre l'université de Tlemcen et l'université ADNAN MANDERES), nous avons effectué, un test de la qualité d'ADN grâce une spectrophotométrie en goutte via l'utilisation du NanoDrop (Thermo) qui a permis de déterminer la concentration en ADN de la solution ainsi que d'évaluer sa pureté. 2 µL de la solution est dosé, contre un témoin approprié (matrice de la solution d'ADN).

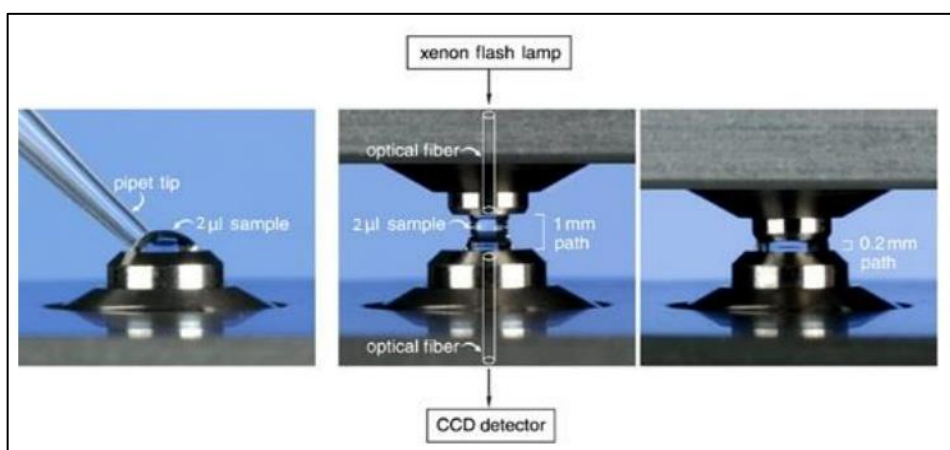
La **figure 27 présente** le NanoDrop2000C Thermo Scientifique que j'ai utilisé pour réaliser les dosages des échantillons en ADN.

Le NanoDrop permet de mesurer entre autres l'absorbance d'une solution à 260 et 280 nm. L'ADN a la propriété d'absorber à 260 nm en raison de la présence de cycle dans ses bases azotées. Les protéines absorbent-elles à 280 nm ceci en raison de la présence de résidus aromatiques.

Pour l'ADN bicaténaire une unité d'absorbance à 260 nm correspond à 50  $\mu\text{g/ml}$ , de plus le rapport  $A_{260}/A_{280}$  donne une valeur permettant de vérifier la pureté de la solution d'ADN. Si ce rapport est compris entre 1,7 et 2,0 on considère la solution comme pure, supérieure à 2,0 il y a contamination par des ARN et/ou des sels et inférieure à 1,7 il y a contamination par les protéines.



**Figure 28.** NanoDrop2000c Thermo Scientific



**Figure 29.** Fonctionnement du NanoDrop

Le NanoDrop est un appareil de dernière génération permettant de doser une solution à partir de seulement 2  $\mu\text{L}$  de façon précise basée sur une source photonique générée par une lampe flash de Xénon. Le principe est le même qu'un spectrophotomètre classique hormis le volume d'échantillon qui est ici de 2  $\mu\text{L}$ . La lampe de Xénon joue le rôle de source de lumière, celle-ci est filtrée par un filtre monochromateur, le faisceau lumineux traverse l'échantillon, puis est détecté grâce à un détecteur CCD (**figure 28**) les données sont traitées automatiquement grâce à un logiciel qui permet d'obtenir directement la concentration en ADN bicaténaire en  $\text{ng}/\mu\text{l}$ , ainsi que le rapport  $A_{260}/A_{280}$ .

Pour réaliser les différentes amplifications par PCR, les échantillons d'ADN qui montrent une grande concentration nécessitent un ajustement par une dilution. En effet, tous les échantillons d'ADN utilisés pour cette étude sont mis à une concentration finale qui se situe dans un intervalle allant de 50 à 150 ng/μl. Ces échantillons finaux sont conservés à - 20 °C pour être analysés ultérieurement.

## 5. Génotypage des marqueurs microsatellites par séquenceur automatique

Cette étape consiste tout d'abord à amplifier des microsatellites par la technique PCR, ce qui génère des fragments de longueur variable d'un allèle à l'autre. En marquant l'une des amorces utilisées avec un fluorochrome, nous pouvons déterminer ensuite, par électrophorèse capillaire, la longueur exacte de chaque allèle microsatellite étudié. Comme l'appareil utilisé peut détecter cinq fluorochromes différents et que le même fluorochrome peut être utilisé pour plusieurs microsatellites différents (lorsque les tailles maximales des fragments d'un marqueur ont une différence de plus 100 nucléotides avec la taille minimale du microsatellite suivant dans l'ordre de grandeur des allèles), nous pouvons réaliser des multiplex où plusieurs marqueurs pouvant être amplifiés dans un même tube.

### 5.1 Principes des techniques

#### 5.1.1 Amplification des marqueurs microsatellites

##### a. Principe de la PCR classique

La PCR est une technique de biologie moléculaire mise au point par Mullis en 1985. Elle permet d'amplifier, *in vitro*, un fragment d'ADN double brin grâce à l'activité polymérisique d'une ADN polymérase thermorésistante ((Taq polymérase), extraite d'une bactérie thermophile « *Thermus aquaticus* »), par un procédé d'extension de deux amorces (sens et antisens) de 20 à 25 nucléotides, complémentaires des extrémités 3' des deux brins d'ADN et encadrant spécifiquement la séquence à amplifier. La PCR repose sur un processus cyclique de 3 phases (**Figure 29**) :

##### ➤ *Dénaturation de l'ADN double brin :*

Cette étape consiste à séparer par la chaleur (de 94 °C à 92°C) les deux brins d'ADN en rompant les liaisons d'hydrogène. Les deux simples brins résultants peuvent alors servir de matrice à la synthèse de nouveaux brins.

##### ➤ *Hybridation des amorces :*

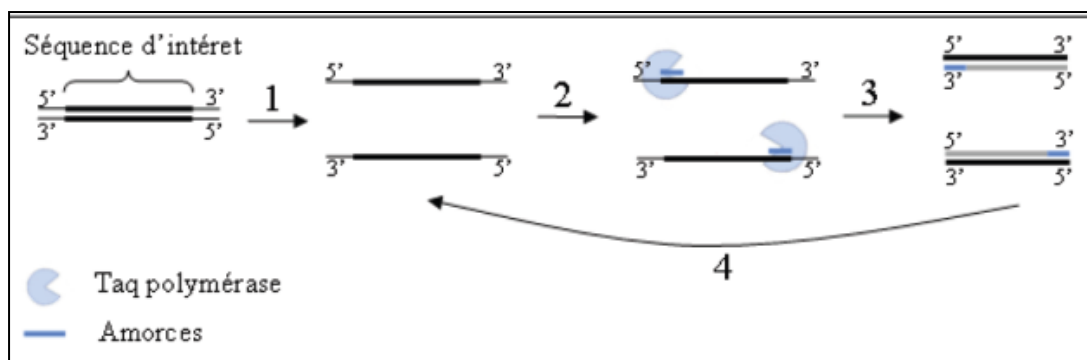
Les amorces s'hybrident avec tout ADN comportant la séquence complémentaire. La température de cette étape est spécifique à chaque protocole de PCR, car elle dépend de la

longueur des amorces et de leur composition en oligonucléotides. En général, cette température est comprise entre 45 °C et 65 °C.

➤ **Élongation des amorces :**

Cette étape se déroule généralement à la température optimale de l'ADN polymérase (72 °C) et sa durée dépend principalement de la longueur de l'amplimère. La polymérase incorpore, à l'extrémité 3' de l'amorce appariée à la cible, les dNTP « *Désoxynucléotides triphosphates* » complémentaires de la séquence de la matrice à laquelle elle est hybridée. Ainsi, chaque amorce est allongée dans le sens 5' vers 3'. Il en résulte deux ADN bicaténaires.

Le cycle suivant, les brins néosynthétisés serviront eux-mêmes de matrice pour initier l'étape de polymérisation par l'ADN polymérase. La répétition du cycle triphasique permet une amplification exponentielle de la séquence génomique cible, soit une amplification théorique égale à  $2^n$  fois où  $n$  représente le nombre de cycles d'amplification effectués. Cependant le rendement réel de la réaction d'amplification de l'ADN est d'environ 70 %.



**Figure 30.** Schéma du principe de la PCR

1 : dénaturation du double brin d'ADN par chauffage ; 2 : hybridation des amorces ; 3 : synthèse de la séquence complémentaire au brin matrice ; 4 : ce cycle de 3 étapes est répété  $n$  fois.

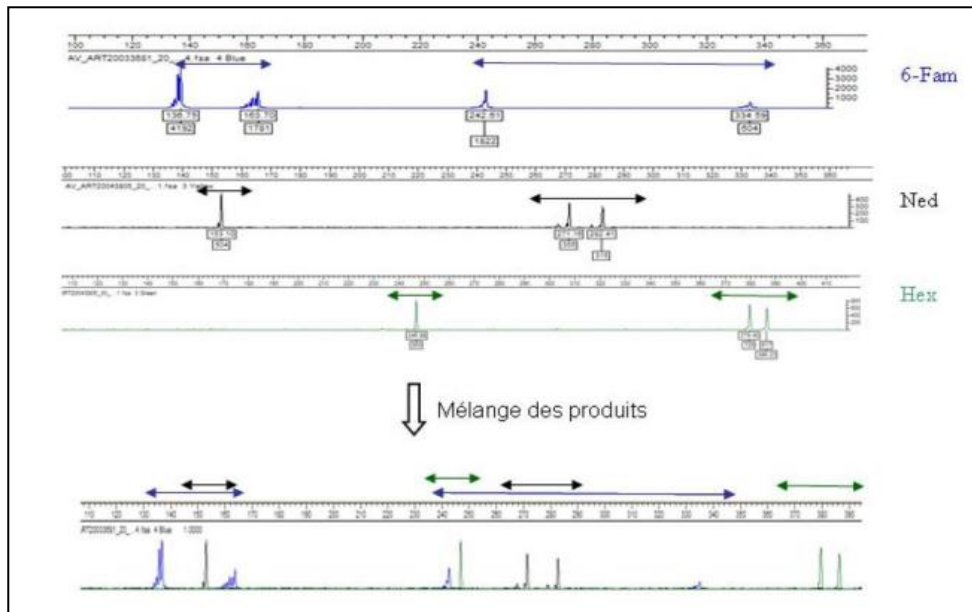
**b. Amplification en Multiplex**

La PCR multiplex consiste à amplifier simultanément plusieurs séquences cibles (au moins deux) dans un même tube d'amplification. Ainsi, la réaction d'amplification contiendra les paires d'amorces encadrant plusieurs sites génétiques à amplifier. Puisque les concentrations optimales de réactifs, la durée et les températures de réaction sont spécifiques à chaque paire d'amorces, des arrangements pour ces différents paramètres sont établis afin d'obtenir des résultats satisfaisants. L'analyse par PCR multiplex exige aussi que les différents fragments amplifiés soient de tailles différentes afin qu'il soit possible de déterminer de quels sites génétiques ils proviennent. Il est aussi possible d'utiliser des amorces marquées avec des



fluorochromes, émettant à des longueurs d'ondes différentes, spécifiques pour chaque site amplifié. Cela permet de distinguer entre les allèles, de différents marqueurs, ayant des tailles chevauchantes de plusieurs sites génétiques par rapport à la longueur des fragments (**Figure 30**).

Cette façon de procéder pour l'amplification permet de réduire le temps d'analyse ainsi que les coûts et la quantité de matériel génétique utilisé.



**Figure 31.** Exemple d'un résultat d'une PCR multiplex (Nikolic, 2009).

Chaque flèche horizontale représente un microsatellite, et la longueur des flèches la fourchette de tailles attendues pour ses allèles. Ici, nous avons représenté trois microsatellites par fluorophore (6-Fam, Ned et Hex) et nous pouvons voir l'importance des tailles dans l'élaboration de nos jeux de marqueurs pour qu'il n'y ait pas de recouvrement. Pour chaque marqueur la visualisation de 2 pics représente un individu hétérozygote et un seul pic un individu homozygote.

### 5.1.2 Électrophorèse capillaire

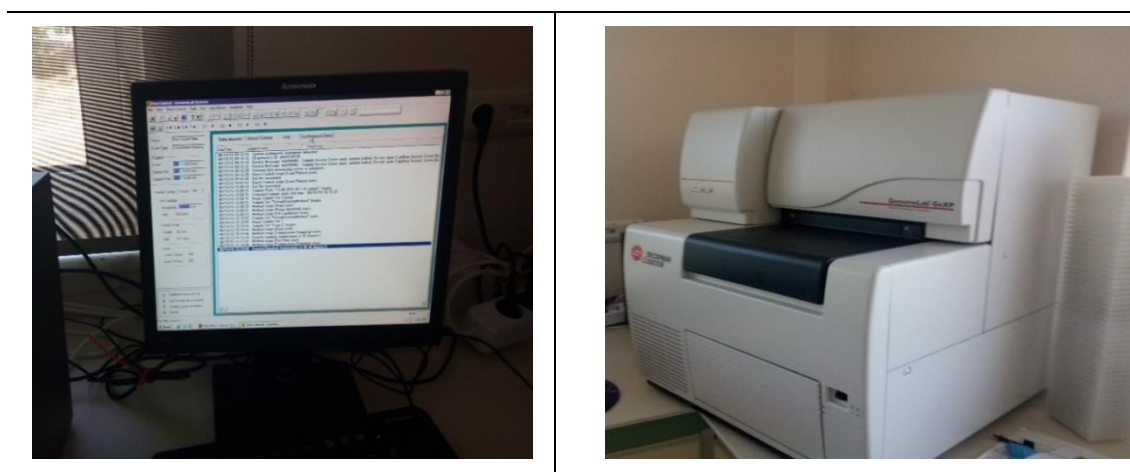
Les fragments de PCR marqués par fluorescence ont été séparés par électrophorèse capillaire dans le système d'analyse génétique Séquenceur CEQ 8000 DNA (Beekman Coulter, Inc., USA) (**Figure 31**).

Cette électrophorèse capillaire (EC) est une technique d'analyse qui permet la séparation et la quantification d'une large gamme d'analytes, notamment l'ADN, à l'aide d'un capillaire de moins de 50 micromètres ( $\mu\text{m}$ ) de diamètre et en fonction du rapport masse/charge d'analytes.

En effet, les fragments d'ADN à analyser se déplacent vers le pôle positif et sont séparés selon leur masse : les fragments avec une masse moléculaire plus faible vont se déplacer plus rapidement à travers le capillaire, et les fragments avec un poids moléculaire plus élevé, se

déplaceront plus lentement. Ces fragments d'ADN sont liés à des marqueurs fluorescents et sont détectés par un laser à argon, qui les excite à différentes longueurs d'onde.

Afin de calibrer le signal émis par chaque fragment d'ADN et pouvoir donc détecter sa taille, il est nécessaire d'ajouter un marqueur fluorescent (par exemple Dye 2) (**Tableau 4**), avec chaque échantillon. Le software couplé au séquenceur reconnaît les positions (avec les tailles en Pb correspondant) des sommets du marqueur Dye 2 à partir d'une matrice de données connue. Puis, en utilisant une ligne de régression, le software est capable d'estimer quelles sont les tailles absolues des allèles pour chaque échantillon.



**Figure 32.**Le séquenceur automatique à droite et le moniteur de réglage à gauche

## 5.2 Protocole expérimental

### 5.2.1 Choix des marqueurs et préparation des amorces

Un panel de 15 marqueurs microsatellites a été choisi, l'ensemble de ces marqueurs font partie d'un panel de microsatellites dont la majeure partie appartient à la liste établie par la FAO pour l'étude de la structure génétique des races ovines à l'échelle mondiale. Ces marqueurs présentent les caractéristiques suivantes (**Tableau 4**). Les amorces utilisées sont marquées par quatre fluorophores différents : Dye 2 (émets dans le bleu), Dye 3 (émets dans le vert), Dye 4 (émets dans le noir). Les amorces reçues sont resuspendues, en utilisant de l'eau ultra-pure, pour une concentration finale de 16,1 nmol/ $\mu$ l. Par la suite les marqueurs sont regroupés en multiplex de trois marqueurs de sorte qu'ils puissent être distingués par leur fluorophore. Ainsi, 2 multiplex ont été constitués (M1 et M2) (**Tableau 4**).

**Tableau 4.** Caractéristiques du panel de 15 marqueurs microsatellites utilisé dans cette étude.

Multiplex	Microsatellites	Localisation Chromosomique	Séquences des Amorces	Taille des Allèles (Pb)		Marquage
				ISAG	FAO	
M1	OarFCB193	11	F TTCATCTCAGACTGGGATTCAGAAAGGC R GCTTGGAATAACCCCTCTGCATCCC		96-136	Dye 3
	OarFCB304	19	F CCCTAGGAGCTTTCAATAAAGAATCGG R CGCTGCTGTCAACTGGGTCAGGG	148-190	150-188	Dye 3
	INRA0023		F GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC R TAACTACAGGGTGTAGATGAACTC	201 - 219	195-225	Dye 3
	OarCP34	3	F GCTGAACAATGTGATATGTTTCAGG R GGGACAATACTGTCTTAGATGCTGC		112-130	Dye 2
	INRA0132	20	F AACATTTTCAGCTGATGGTGGC R TTCTGTTTTGAGTGGTAAGCTG	152-172		Dye 2
	D5S2	17	F TACTCGTAGGGCAGGCTGCCTG R GAGACCTCAGGGTTGGTGATCAG	190 - 210		Dye 2
	BM1818	20	F AGCTGGGAATATAACCAAAGG R AGTGCTTTCAAGGTCCATGC	258 - 270	248-278	Dye 2
M2	BM8125	17	F CTCTATCTGTGGAAAAGGTGGG R GGGGGTTAGACTTCAACATACG		110-130	Dye 3
	McM0527	5	F GTCCATTGCCTCAAATCAATTC R AAACCACTTGACTACTCCCCAA	165 - 179	165-187	Dye 3
	CSRD0247	14	F GGACTTGCCAGAACTCTGCAAT R CACTGTGGTTTGTATTAGTCAGG	209-261	220-247	Dye 3
	OarFCB128	2	F ATTAAAGCATCTTCTCTTTATTTCTCGC R CAGCTGAGCAACTAAGACATACATGCG		96-130	Dye 4
	BM1329	6	F TTGTTTAGGCAAGTCCAAAGTC R AACACCGCAGCTTCATCC	145-161	160-182	Dye 4
	HSC	20	F CTGCCAATGCAGAGACACAAGA R GTCTGTCTCCTGTCTTGTGCATC	267 - 301		Dye 4
	OarJMP29	24	F GTATACACGTGGACACCGCTTTGTAC R GAAGTGGCAAGATTCAGAGGGGAAG		96-150	Dye 2
	MAF214	16	F GGGTGATCTTAGGGAGGTTTTGGAGG R AATGCAGGAGATCTGAGGCAGGGACG	181-265	174-282	Dye 2

### 5.2.2 Préparation du mélange réactionnel de PCR

La PCR est réalisée en utilisant un mix contenant l'eau distillée, le tampon de dilution, les ions de MgCl<sub>2</sub>, les dNTPs, les amorces (F : forward (Sens vers l'avant) R : Reverse (Sens inverse) et la Ta polymérase. Les concentrations des différents composants sont optimisées au préalable afin de donner de bons résultats pour des fragments allant jusqu'à 1 Kb. On a réalisé ensuite pour chaque échantillon une solution de 10 µl contenant 8 µl de mix de PCR de multiplex (qui correspond aux amorces encadrant les régions du génome que l'on veut étudier) et 2 µl prévenants de l'échantillon d'ADN à tester (**Tableau 5**)

**Tableau 5.** Préparation des solutions de PCR

Mix PCR		Concentration mère	Pour un échantillon	Pour 100 échantillons
Eau distillée (dH <sub>2</sub> O)		-	3,8 µl	<b>Mix PCR</b>  =  <b>8 µL</b>
Tampon de dilution		(10x)	1 µl	
Ions de MgCl <sub>2</sub>		25 mM	0,2 µl	
dNTPs (3 mµ)		0,2 mµ	2,66 µl	
Les amorces « D2, D3 et D4 »	<b>F</b>	10 µM x 7Amorses	0,01 µl	
	<b>R</b>	10 µM x 7Amorses	0,01 µl	
Taq polymérase		5 unités/µl	0,2 µl	
Échantillons d'ADN		(50-100ng/µl)	<b>2 µl</b>	<b>1000 µl (QSP)</b>
Volume Total			<b>10 µl</b>	

### 5.2.3 Conditions d'amplification

Les conditions d'amplification par PCR (Thermocycleur TC-PLUS, Bibby Scientific Ltd.) de ces 15 microsatellites ont été réalisées au niveau de notre laboratoire d'analyse génétique université Aydin, Turquie, quinze (15) marqueurs microsatellites d'espèces bovines, ovines et caprines ont été choisis fonction des recommandations de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO, 2011).

Des régions génomiques spécifiques ont été amplifiées en utilisant des protocoles de PCR de différente température (Touchdown PCR) pour chaque groupe multiplex. En effet, deux groupes multiplex ont été formés avec les 15 microsatellites utilisés. Le premier et second groupe sont composés respectivement, par sept microsatellites (BM1818, D5S2, INRA0023, INRA0132, OARAE0129, OARFCB20 et OARFCB304) et huit microsatellites (BM1329, BM8125, CSRD0247, HSC, MAF214, McM0527, OARFCB128 et OARJMP29) (**Tableau 6**).

**Tableau 6.** Les conditions de cyclage thermique utilisées pour touchdown PCR.

Loci	Groupe de Multiplex	1 <sup>ère</sup> T° dénaturation	Dénaturation	Hybridation	Élongation	Cycles	Élongation finale
BM1818 D5S2 INRA0023 INRA0132 OARAE0129 OARFCB193 OARFCB304	<b>M1</b>	5 °C (5 min)	95 °C (40 s)	63–54 °C (40 s)	72 °C (60 s)	40	72 (10 min)
BM1329 BM8125 CSR0247 HSC MAF214 McM0527 OARFCB128 OARJM	<b>M2</b>	95 °C (5 min)	95 °C (40 s)	60–50 °C (40 s)	72 °C (60 s)	34	72 (10 min)

### 5.3 Étude du polymorphisme des microsatellites par séquenceur automatique

#### 5.3.1 Préparation des échantillons

Pour chaque échantillon, on prend 34,5 µl de SLS (Sample Loading Solution) et 0,5 µl de marqueur de taille, le tout est mélangé avec 0,5 µl d'ADN (produit de PCR) pour arriver à un volume final de 35,5 µl.

Pour 96 échantillons (plaque complète), on prépare une solution qui contient seulement le SLS et le marqueur de taille puis on fait le calcul sur 100 échantillons (**Tableau 7**), pour éviter les erreurs de manipulation puis, on partage 34.5 µl de façon équitable de ce volume total sur tous les 96 puits, puis on ajoute 0,5 µl ADN de nos échantillons dans chaque puits. Après on ajoute une goutte de l'huile pour éviter la vaporisation de la solution lors de fonctionnement des capillaires. La solution de nettoyage est préparée au niveau de la deuxième plaque (plaque de nettoyage), où on remplit 70-75 % de volume total de chaque puits par le tampon de séparation.

**Tableau 7.** Préparation des solutions des plaques d'échantillons du séquenceur

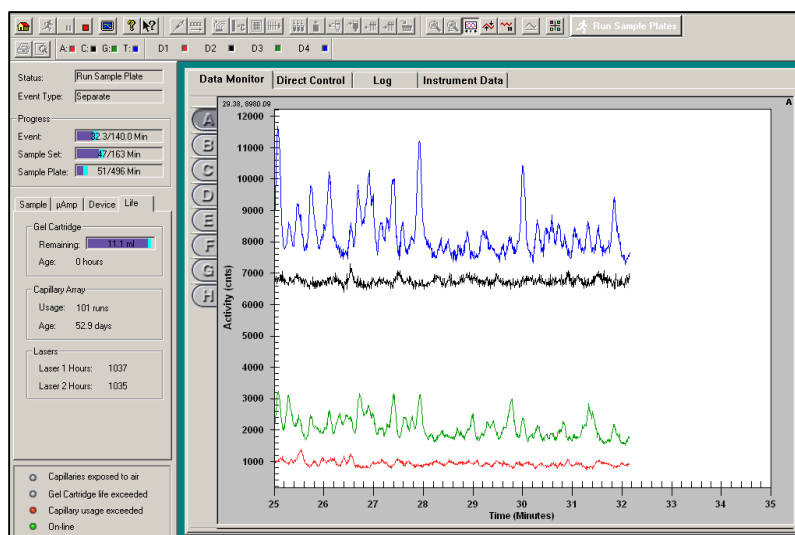
Composants	Un échantillon	100 échantillons
SLS	34.5 µl	3450 µl
Marqueur de Taille	0.5 µl	50 µl
ADN (produit mix de PCR)	0.5µ	0.5 µl*
Volume Total	35.5 µl	3500 µl + 0.5 µl*

\*Produit du PCR

### 5.3.2 Mise en marche du séquenceur et analyse des électrophérogrammes

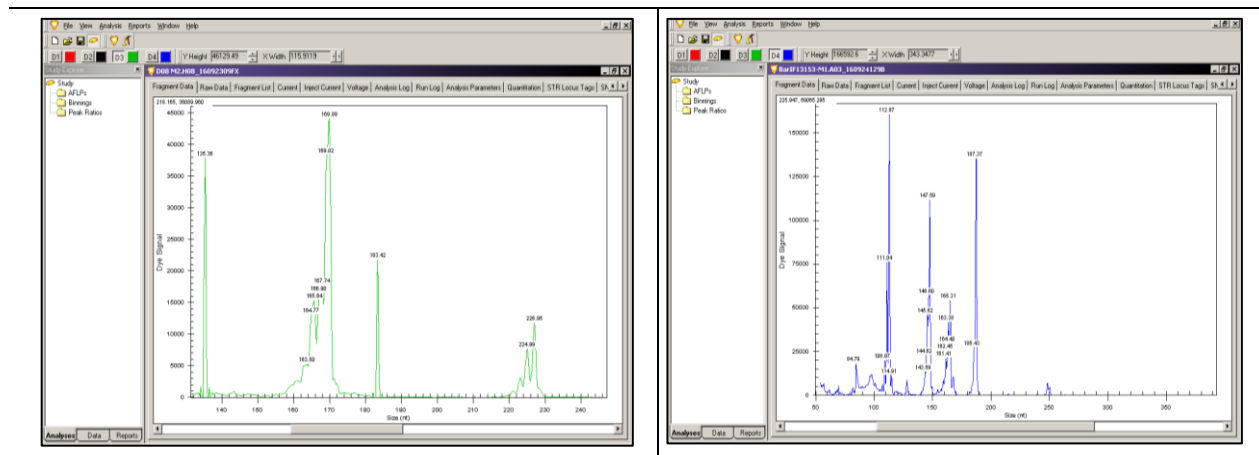
Après la préparation de deux plaques, la première porte les échantillons à analyser et la deuxième porte la solution de nettoyage des capillaires. Après la mise en place de ces deux plaques dans le séquenceur et en même temps tous les échantillons d'ADN sont enregistrés avec un codage et de façon à respecter l'ordre et la position de ces échantillons dans les puits de la plaque d'échantillons.

Pour analyser des fragments des microsattellites, la fonction **Frag3** (Fragment 3) est la fonction recommandée. Le niveau de gel de l'électrophorèse doit être observé avant le début de l'analyse, leur changement est en fonction du nombre des échantillons à analyser, sinon un nouveau tube de gel est ajouté toujours avec la demande d'accès pour éviter tout blocage de l'appareil. En cliquant sur l'image de tube de gel dans l'écran principal. Après l'appareil est maintenant prêt pour la mise en marche (**Figure 32**).



**Figure 33.** Démarrage de séquenceur automatique : Analyse des fragments de PCR marqués par fluorescence (bleu, vert, noir et rouge (marqueur de taille)).

Le traitement des ADN par le séquenceur automatique génère des électrophérogrammes représentant les différents allèles contenus dans le génotype de chaque individu. Ils sont enregistrés automatiquement dans des fichiers au niveau de la base des données de l'ordinateur couplé au séquenceur. L'analyse de ces électrophérogrammes permet d'identifier la taille des allèles, il est réalisé manuellement par une lecture directe. Ensuite, les valeurs des tailles révélées pour chaque individu sont mises sous forme d'un tableau(**Figure33**).



**Figure 34.** Les électrophérogrammes correspondent aux marqueurs microsatellites (Fluorescence vert et bleu).

## 6. Méthodes d'analyse statistique

L'étude de la diversité génétique au niveau des espèces d'animaux domestiques nécessite l'utilisation des approches statistiques particulières réalisées grâce à des programmes informatiques très spécialisés. En effet, avec le développement des sciences de bioinformatiques et les progrès de la génétique des populations, plusieurs logiciels statistiques sont mis en fonctions pour effectuer de nombreuses opérations d'analyse des données fournies par les marqueurs moléculaires comme les microsatellites et SNPs. Dans cette présente étude, nous avons utilisé 12 logiciels. Les tests réalisés par chaque logiciel sont mentionnés au niveau du **tableau 8**.

**Tableau 8.** Liste des logiciels bioinformatiques utilisées dans les analyses statistiques de cette étude.

Type de logiciel	Site web	Caractéristiques	Références
<b>GenAlEx 6.5</b>	<a href="http://biology-assets.anu.edu.au/GenAlEx/Welcome.html">http://biology-assets.anu.edu.au/GenAlEx/Welcome.html</a>	Calcule la diversité et la divergence génétiques. Test d'équilibre d'Hardy-Weinberg et les déséquilibres de liaison.	Peakall and Smouse (2006, 2012)
<b>Popgene 1.32</b>	<a href="https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html">https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html</a>	Analyse de la variation génétique entre et à l'intérieur des populations naturelles en utilisant des marqueurs codominants et dominants et des traits quantitatifs	Yeh et al. (1997)
<b>Cervus 3.0.3</b>	<a href="http://www.fieldgenetics.com/pages/home.jsp">http://www.fieldgenetics.com/pages/home.jsp</a>	Analyse de la fréquence de l'allèle : Les tests de parenté utilisant la vraisemblance nécessitent des fréquences alléliques. Simulation et analyse des parents	Marshall, (2006) ; Kalinowski et al. (2007)
<b>MEGA 6</b>	<a href="http://www.megasoftware.net/">http://www.megasoftware.net/</a>	MEGA est un outil intégré pour effectuer l'alignement automatique et manuel des séquences et inférer des arbres phylogénétiques.	Tamura et al. (2013)
<b>Dendroscope 3</b>	<a href="http://dendroscope.org/">http://dendroscope.org/</a>	Est conçu pour visualiser des arbres phylogénétiques de toutes tailles Et peut être utilisé pour une variété d'analyse des ensembles de données moléculaires	Huson and Scornavacca, (2012)
<b>Fstat 2.9.3</b>	<a href="http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm">http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm</a>	Programme complet sur les indices en génétique des populations pour évaluer la diversité et la divergence génétiques. (Wright's F-statistics ( $F_{IT}$ , $F_{IS}$ , $F_{ST}$ ))	Goudet, (2001)
<b>Arlequin 3.5.2.2</b>	<a href="http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35/Arlequin35.html">http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35/Arlequin35.html</a>	Les analyses des données intra-population (informations statistiques sont extraites indépendamment de chaque population) et inter-population (les échantillons sont comparés les uns aux autres).	Excoffier et Lischer (2010)
<b>Genetix 4.05</b>	<a href="http://www.univmontp2.fr/genetix/genetix/">http://www.univmontp2.fr/genetix/genetix/</a>	Programme complet sur les indices en génétique des populations pour évaluer la diversité et la divergence génétiques (Analyse Facturielle Correspondant-AFC)	Belkhir et al. (2000)
<b>FreeNA</b>	<a href="http://www1.montpellier.inra.fr/CBGP/software/FreeNA/">http://www1.montpellier.inra.fr/CBGP/software/FreeNA/</a>	Détecte les allèles nuls au sein de marqueurs microsatellites.	Chapuis et Estoup, 2007
<b>GeneClass2</b>	<a href="http://www.montpellier.inra.fr/URLB/index.htm">http://www.montpellier.inra.fr/URLB/index.htm</a>	Détecte les migrants et assigne les individus à leur population d'origine.	Piry et al. (2004)
<b>Phylip 3.696</b>	<a href="http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html/">http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html/</a>	Calculs de distances génétiques entre populations, construction d'arbres phylogénétiques ( <i>UPGMA / Neighbor Joining</i> ) à partir de matrices de distances.	Felsenstein. (1989)
<b>Structure 2.3.4</b>	<a href="http://pritch.bsd.uchicago.edu/software/structure2_1.html">http://pritch.bsd.uchicago.edu/software/structure2_1.html</a>	Identifie des groupes et assigne les individus aux groupes les plus probables	Pritchard et al. (2000) ; Falush et al. (2007) ; Hubisz et al. (2009)
<b>Structure Harvester 0.6.94</b>	<a href="http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/">http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/</a>	Le programme fournit un moyen rapide d'évaluer et de visualiser les valeurs de vraisemblance à travers de multiples valeurs de K et des centaines d'itérations pour faciliter la détection du nombre de groupes génétiques qui correspondent le mieux aux données.	Earl and vonHoldt (2012)



## 6.1 Principes des analyses faites en génétique des populations

L'analyse de la variabilité des populations animales est reposée sur deux niveaux de variabilité une variabilité intra population et d'autre variabilité inter populations. Ces deux niveaux complémentaires. L'analyse des données du génotypage des marqueurs microsatellites nécessite une approche statistique particulière. Le but de cette approche est la caractérisation, l'étude de la structure et la proximité génétique des populations ovines étudiées.

D'une part, une première analyse statistique nous a renseignés sur la déviation des populations étudiées par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg (EHW) ainsi que sur la structure et la variabilité génétique des populations. D'autre part, des calculs de « distances génétiques » avec les arbres phylogénétiques correspondants, Analyse multidimensionnelle (AFC) ainsi que l'application de l'algorithme basé sur des méthodes bayésiennes de clustering en assignant les individus à un ou plusieurs groupes « clusters ».

Dans le cadre de cette étude, la caractérisation génétique de 12 races ovines locales et la recherche de leur proximité génétique possible, à partir des différents paramètres calculés pour les 15 microsatellites étudiés. Ces paramètres sont :

## 6.2 Test de conformité à l'équilibre de Hardy-Weinberg

L'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW) a été mis en évidence au début du XXème siècle par un mathématicien anglais, G.H. Hardy, et un médecin allemand, W. Weinberg, et stipule que « *les fréquences alléliques restent stables de génération en génération dans une population diploïde idéale et ne dépendent que des fréquences de la génération initiale* ».

Dans le cas le plus simple, avec un locus avec deux allèles (A) et (a) de fréquences alléliques (p) et (q) respectivement, la loi EHW prédit que la fréquence génotypique pour l'homozygote AA est  $p^2$ , celle de l'hétérozygote (Aa) est de  $2pq$  et celle de l'homozygote (aa) est  $q^2$ .

La notion d'équilibre dans ce modèle est soumise aux conditions suivantes :

- La population est panmictique ;
- La population est de grande taille ;
- Il ne doit y avoir ni sélection, ni mutation, ni migration ; et
- Les générations ne sont pas chevauchantes, c'est-à-dire qu'il n'y a pas de croisement entre individus appartenant à différentes générations.

Une perturbation de l'EHW donne des indications sur la divergence génétique des populations. Celle-ci dépend des quatre forces évolutives : la sélection, les mutations, la dérive génétique et le flux génique, décrits dans le premier chapitre. La conséquence de l'action de ces forces évolutives est de faire varier les fréquences alléliques et le taux d'hétérozygotes de la population par rapport à l'EHW.

Les écarts à la panmixie peuvent ainsi être le résultat du mode d'union des reproducteurs qui n'est pas panmictique (homogamie, hétérogamie, union entre apparentés, sélection des reproducteurs), de la fragmentation de la population en sous populations, c'est l'effet Wahlund, ou encore d'introductions récentes et/ou croisements entre populations différentes (excès d'hétérozygoties).

Ces données peuvent être très utiles pour comprendre l'histoire de la population. Il faut savoir aussi que l'échantillonnage induit parfois des biais par une sur-représentation de certaines structures familiales. D'autre part, la présence d'allèles nuls ainsi que les artéfacts de lecture induit une sous-estimation de l'hétérozygotie observée. Pour tester l'équilibre de Hardy-Weinberg, on définit une hypothèse nulle  $H_0$  ( $H_0$  : la population est en équilibre de Hardy-Weinberg).

Ensuite on calcule l'indice de fixation intra population de Wright ( $F_{IS}$ ), qui correspondrait à la perte actuelle d'hétérozygotie due à la consanguinité. Les résultats sont interprétés par rapport à un seuil préalablement fixé (5 %). Si la P-value est inférieure à 0,05, l'hypothèse  $H_0$  est rejetée c'est-à-dire la valeur du  $F_{IS}$  dans la population étudiée dévie significativement par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg (déficit en hétérozygoties si les valeurs du  $F_{IS}$  sont positives et excès en hétérozygoties si les valeurs du  $F_{IS}$  sont négatives). Par contre, si la P-value est supérieure à 0,05,  $H_0$  est acceptée, la valeur du  $F_{IS}$  n'est pas significativement différente de 0 et donc la population étudiée est en équilibre de Hardy-Weinberg

### **6.3 Fiabilité des loci microsatellites**

#### **6.3.1 Détection des allèles nuls**

Les problèmes de génotypage créent un vrai problème dans la fiabilité des données. Afin de déterminer si certains loci devaient être éliminés de l'analyse, le logiciel **FreeNA** (Chapuis et Estoup, 2007) a été utilisé pour l'estimation, pour chaque locus et échantillon, des fréquences d'allèles nuls (l'erreur la plus souvent rencontrée).

### 6.3.2 Taux de polymorphisme (PIC)

Le taux de polymorphisme ou PIC "Polymorphic Information Content" renseigne sur le polymorphisme des marqueurs. Un marqueur est considéré comme informatif s'il permet de distinguer deux groupes de descendants selon l'allèle reçu d'un parent (Boichard et al., 1998). Les valeurs de PIC, obtenu en sommant les probabilités qu'un marqueur soit informatif en fonction des configurations génotypiques des parents vont, de 0 (monomorphe) à 1 (hautement discriminant) (Leroy, 2008). Soit un locus à  $n$  allèles, l'allèle  $i$  ayant une fréquence  $p_i$  dans la population, le PIC de ce locus se calcule comme suit :

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - 2 \left[ \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n p_i^2 p_j^2 \right]$$

### 6.3.3 Déséquilibre d'association

Ce paramètre nous permet de comprendre le comportement social qui régit les croisements des populations sauvages et le mode avec lequel un élevage est conduit au niveau des animaux domestiques. Il nous permet aussi de voir si, dans un environnement donné, des associations préférentielles ont lieu entre allèles de loci différents, ce qui peut nous renseigner sur de probables régions d'intérêt zootechnique. De plus, cette analyse peut aussi donner des éléments de réponse en cas de déviation par rapport à l'EHW. Le logiciel **Genepop** (Raymond et Rousset, 1995) a été utilisé pour analyser ce paramètre. La conformité des données attendues à celles observées est vérifiée par la comparaison de valeurs de  $\alpha$  à la valeur non biaisée de  $P$  en utilisant la méthode de chaîne de Markov (Guo et Thompson, 1992).

## 6.4 Analyse de la diversité intra-population

Dans un premier temps, l'étude a porté sur l'analyse de la variabilité génétique au sein des populations étudiées. Les génotypes obtenus pour les microsatellites étudiés ont été analysés pour l'estimation des critères suivants :

### 6.4.1 Richesse allélique

Elle représente le nombre total d'allèles pour un locus donné. Ce paramètre peut toutefois être sous-estimé si le nombre d'individus typés est faible et le marqueur très polymorphe, les allèles rares ayant alors peu de chance d'être échantillonnés (Rognon, et Verrier, 2007).

### 6.4.2 Fréquences alléliques

La fréquence allélique est la principale valeur qui est à la base de l'analyse statistique de la variabilité génétique d'une population, soit la proportion de tous les allèles donnés d'un même type à un certain locus dans cette population (Hartl, 1988). Les fréquences alléliques ont été calculées pour chacune des races étudiées et données sous forme de tableau grâce au logiciel **GenAlEx 6.5** (Peakall and Smouse 2006, 2012). Ainsi la fréquence d'un allèle dans un échantillon est égale à deux fois le nombre de génotypes homozygotes pour cet allèle (car chaque homozygote porte deux copies de l'allèle) plus le nombre des génotypes hétérozygotes comportant cet allèle (car chaque hétérozygote porte une copie) divisé par deux fois le nombre total d'individus dans l'échantillon (car chaque individu porte deux allèles à ce locus) (Hartl, 1988).

La formule est la suivante pour calculer la fréquence  $P_i$ , de l'allèle  $i$  au locus  $k$  dans la population  $x$  :

$$P_{ikx} = 2(n_{ii}) + ni/2N$$

- $n_{ii}$  est le nombre d'individus homozygotes pour l'allèle  $i$  au locus  $k$
- $ni$  est le nombre d'individus hétérozygotes pour l'allèle  $i$  au locus  $k$
- $N$  est le nombre total d'individus typés au locus  $k$  avec
- $lk$  : est le nombre d'allèles au locus  $k$

$$\sum_{i=1}^{lk} P_{ik} = 1$$

### 6.4.3 Taux d'hétérozygotie

L'évaluation de la variabilité génétique au sein d'une population s'effectue généralement en référence à la proportion d'hétérozygoties au niveau d'un ou plusieurs locus. La manière la plus simple est de compter le nombre d'individus effectivement hétérozygotes.

#### ➤ Taux d'hétérozygotie observé ( $H_o$ )

Le taux d'hétérozygotie observé ( $H_o$ ) est calculé par le rapport entre le nombre d'animaux hétérozygotes et le nombre total d'animaux typés pour le locus considéré

### ➤ Taux d'hétérozygotie attendue $H_e$

Le taux d'hétérozygotie théorique ( $H_e$ ) est calculé, sous l'hypothèse d'équilibre de Hardy-Weinberg à partir des fréquences alléliques déterminées pour chaque locus à l'aide de la formule suivante :

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^{l_k} p_{ikx}^2$$

- ✓  $p_{ikx}$  est la fréquence d'ième allèle à ce locus k
- ✓  $l_k$  est le nombre d'allèles au locus k.

Et pour un ensemble de loci, une moyenne est ensuite calculée pour chacun de ces taux, observé et théorique.

### ➤ Taux d'hétérozygotie non biaisé ( $H_{nb}$ )

Il permet une correction en fonction de l'échantillonnage. Nei (1978) propose d'utiliser un estimateur ( $H_{nb}$ ) ou *diversité génétique* non biaisée lorsque le nombre d'animaux testés est faible, il est calculé par la formule suivante :

$$H_{nb} = \frac{2n(1 - \sum p_i^2)}{2n - 1}$$

Où

- $p_{ikx}$  étant la fréquence de l'allèle i au locus k dans la population x
- $n$  est le nombre d'individus étudiés.

Le taux d'hétérozygotie observé, théorique et non biaisé ont été calculés à l'aide du logiciel **GenAlEx 6.5** (Peakall and Smouse, 2006; 2012)

#### 6.4.4 Nombre efficace d'allèles

Le nombre efficace d'allèles ( $A_e$ ) est défini comme l'inverse de la probabilité que deux marqueurs, pris au hasard, présentent le même allèle (Rognon et Verrier, 2007). En un locus donné, comportant plusieurs allèles indicés  $i$  et de fréquences respectives :  $p_i$  ( $\sum_i p_i = 1$ ), ce paramètre s'exprime comme suit (Crow et Kimura, 1970) :

$$A_e = 1 / \sum_i p_i^2 = 1 / (1 - H)$$

Et

$$H = 1 - \sum_i p_i^2$$

Le nombre efficace d'allèles est un critère de variabilité intra population qui vient compléter l'analyse des fréquences alléliques. En effet, il est égal au nombre total d'allèles d'une race donnée dans le cas où les fréquences alléliques sont toutes égales et il est d'autant plus faible que les fréquences sont déséquilibrées. Les allèles les plus fréquents étant ceux qui pèsent le plus dans la valeur calculée.

Ce paramètre a été calculé à partir des fréquences alléliques des microsatellites étudiés en utilisant le logiciel **GenAlEx 6.5** (Peakall and Smouse 2006, 2012)

#### 6.5 Analyse de la diversité inter-populations

La variabilité génétique entre races s'exprime, généralement à partir des distances génétiques entre races. Ces dernières peuvent être converties en phylogénie, classification ou mesure globale de diversité (Ollivier et al., 2000)

##### 6.5.1 Analyse de différenciation des populations

###### a. Nei statistiques (1973)

La variabilité entre populations peut être appréhendée par la mesure du coefficient de différenciation génétique ( $G_{ST}$ ) de Nei (1973) dans le cadre de l'analyse par décomposition hiérarchique de la diversité génétique. La diversité génétique totale de l'espèce ( $H_T$ ) peut être décomposée en diversité intra population ( $H_S$ ) et diversité inter populations ( $D_{ST}$ ). Les indices  $H_T$  et  $H_S$  sont calculés sous l'hypothèse de l'équilibre de Hardy-Weinberg et ne dépendent que des fréquences alléliques observées par la formule suivante :

$$H_T = H_S + D_{ST}$$

En effet, le coefficient de différenciation génétique ( $G_{ST}$ ) indique, au sein d'un ensemble de populations, la part de la variabilité totale qui est due à des différences moyennes entre ces populations.

Il est calculé par le logiciel **Fstat 2.9.3** (Goudet, 2001) selon la formule suivante :

$$G_{st} = (H_T - H_s)/H_T$$

L'indice  $H_T$  représente l'hétérozygotie attendue par individu, en supposant la population globale à l'EHW. En d'autres termes, c'est l'hétérozygotie attendue si toutes les sous-populations étaient regroupées en une seule unité panmictique. Si l'on note  $p_i^*$  la fréquence moyenne de l'allèle  $A_i$  sur l'ensemble des  $X$  sous-populations, on obtient :

$$H_T = 1 - \sum_i^k p_i^{*2}$$

L'indice  $H_s$  représente la moyenne des  $H_e$  (taux d'hétérozygotie théorique par population) dans les  $X$  populations :

$$H_s = \frac{\sum_x^k H_{th}}{X}$$

#### b. F statistiques de Wright.

Dans une population subdivisée, il existe trois niveaux de complexité : les individus (I), les sous-populations (S) et la population totale (T). Dans ce travail, les populations relatives aux régions représentent les sous-populations et l'ensemble des populations représente la population globale. Pour mesurer l'organisation de la diversité génétique dans une population, Wright (1978) a défini l'hétérozygotie de chacun de ces trois niveaux respectivement par les paramètres suivants :  $H_I$ ,  $H_s$  et  $H_T$ . Le premier paramètre  $H_I$  correspond à l'hétérozygotie moyenne des individus sur l'ensemble des sous-populations.

Il représente également l'hétérozygotie moyenne observée pour l'ensemble des gènes (ou loci) d'un individu. C'est aussi la probabilité d'hétérozygotie en un locus pris au hasard. Ainsi, si  $H_i$  est l'hétérozygotie observée dans la  $i^{\text{ème}}$  sous-population, on aura, pour  $X$  sous-populations, la formule :

$$H_I = \sum_i^k H_i/X$$

Le second paramètre  $H_s$  indique l'hétérozygotie attendue par individu pour chaque sous-population en la supposant à l'équilibre Hardy Weinberg. Il représente aussi l'hétérozygotie attendue dans une sous-population supposée à l'équilibre Hardy-Weinberg où  $p_i$  est la fréquence du  $i^{\text{ème}}$  allèle. Soit pour la  $S^{\text{ème}}$  :

$$H_s = 1 - \sum_i^k p_{is}^2$$

On notera  $H_s^*$  la moyenne des  $H_s$  sur les  $X$  sous-populations :

$$H_s^* = 1 - \sum_i^k H_s / X$$

Enfin, le dernier paramètre  $H_T$  représente l'hétérozygotie attendue par individu, en supposant la population globale à l'équilibre Hardy-Weinberg. En d'autres termes, c'est l'hétérozygotie attendue si toutes les sous-populations étaient regroupées en une seule unité panmictique. Si l'on note  $p_i^*$  la fréquence moyenne de l'allèle  $A_i$  sur l'ensemble des  $X$  sous-populations, on obtient

$$H_T = 1 - \sum_i^k p_i^{*2}$$

Trois indices sont générés à partir de ces hétérozygoties :  $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  et  $F_{IT}$ . Ces derniers mesurent l'écart de l'hétérozygotie par rapport à l'équilibre Hardy-Weinberg (EHW) à différents niveaux. Le premier indice  $F_{IS}$  est défini par la relation:

$$F_{IS} = \frac{H_s^* - H_i}{H_s^*}$$

Cet indice, appelé coefficient de consanguinité, mesure la réduction éventuelle de l'hétérozygotie des individus à l'intérieur de leur sous-population. En cas de consanguinité, cet indice est positif et indique un déficit en hétérozygotie. Évidemment, il prend la valeur zéro si les sous-populations sont à l'EHW. En revanche, s'il est négatif, les populations présentent un excès d'hétérozygotie.

Entre les sous-populations et la population totale, l'effet de la subdivision est exprimé par un indice similaire :

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_s^*}{H_T}$$



Ce paramètre, appelé indice de fixation, correspond à la réduction de l'hétérozygotie dans les sous-populations liée aux différences de fréquences alléliques moyennes. Cet indice renseigne sur la différenciation et l'effet de subdivision des populations. Il prend la valeur zéro lorsque toutes les sous-populations ont les mêmes fréquences alléliques et sont à l'EHW. Dans le cas contraire, l'effet Wahlund implique que  $H_T$  soit plus grand que  $H_S$  et donc  $F_{ST}$  sera positif. Enfin, la réduction de l'hétérozygotie entre l'individu et la population globale théorique est donnée par la formule :

$$F_{IT} = \frac{H_T - H_I}{H_T}$$

Ces trois indices sont liés par la relation :

$$(1 - F_{IT}) = (1 - F_{IS})(1 - F_{ST})$$

Si toutes les sous-populations sont bien à l'EHW, on aura  $F_{IS} = 0$  et par conséquent  $F_{ST} = F_{IT}$ . Par ailleurs, si elles sont toutes à l'EHW et ont les mêmes fréquences alléliques, alors les trois indices seraient nuls. Dans ce cas, la division en sous-populations n'existe plus et la population globale est à l'EHW. Comme il a été souligné, l'indice de fixation  $F_{ST}$  permet de quantifier le degré de diversification génétique entre les populations.

Les paramètres  $F_{IT}$ ,  $F_{IS}$  et  $F_{ST}$  désignent respectivement les indices de fixation d'un individu de la population, d'un individu d'une sous-population et d'une sous-population.  $F_{IT}$  et  $F_{IS}$  mesurent la corrélation entre les gamètes d'un même individu tiré au hasard respectivement dans une sous-population et dans la population totale.  $F_{IS}$  permet de mesurer le déficit local moyen d'hétérozygoties par rapport à la structure de Hardy-Weinberg.  $F_{IT}$  permet de mesurer le déficit global d'hétérozygoties dans l'ensemble de la population.

Alors que  $F_{ST}$  représente la corrélation entre deux gamètes tirés au hasard dans deux sous-populations différentes et renseigne sur le niveau de différenciation ou l'individualisation des sous-populations, déficit connu sous le nom de « effet de Wahlund »,  $0 \leq F_{ST} \leq 1$  (Nei, 1973).

Le logiciel **Popgene 1.32** (Yeh et al., 1997) a été utilisé pour le calcul de ces indices ; le niveau du test de signification est :  $p < 0,05$ .

## 6.5.2 Flux des gènes

La différenciation génétique entre populations est favorisée par la dérive et limitée par les flux génétiques entre les populations. Le nombre de migrants effectifs par génération ( $N_m$ ) est relié à la différenciation génétique  $F_{ST}$  par la relation :

$$Nm = \frac{(1 - F_{st})}{4F_{st}}$$

Plus la valeur de  $N_m$  est supérieure à 1, plus l'échange de gènes est important. Dans notre étude, les calculs de  $N_m$  entre populations ont été réalisés par le logiciel **Genetix version 4.04** (Belkhir et al., 2002).

## 6.6 Distances génétiques et arbres de classification

Plusieurs méthodes, rendant compte de la divergence génétique et des relations phylogénétiques entre les populations, sont proposées (Rognon et Verrier, 2007).

Le but des calculs de distances génétiques est de quantifier les différences entre des groupes d'individus (des races dans notre cas). Chaque groupe est défini par un certain nombre de critères (les fréquences alléliques par exemple) à partir desquels la proximité ou l'éloignement entre ces groupes sont estimés. La notion de "distance" revient à réduire les données en une seule valeur qui caractérise la distance qui sépare les différents groupes.

Dans le cadre de ce travail, nous avons utilisé deux fonctions pour calculer les distances entre paires de races selon l'approche classique basée sur les fréquences alléliques dans chaque race en retenant la distance standard de Nei (1972) et celle de Reynolds (1983) calculées avec les logiciels **Popgene** (Yeh et al., 1997) et **Phylip** (Felsenstein, 1993). Chacune de ces deux distances présente des propriétés spécifiques et reste appropriée pour ce type d'étude. Elles ont été surtout choisies du fait de leur utilisation courante dans ce domaine. Rappelons que ces deux distances ont été utilisées pour 15 microsatellites sur un ensemble de 12 races algériennes.

### 6.6.1 Distances utilisées

#### a. Distance standard de Nei (1972)

Elle est définie grâce au concept d'identité génétique. C'est le rapport de la probabilité que deux allèles pris au hasard dans chacune des deux populations soient identiques (non distinguables et non pas identiques par descendance) sur la probabilité que deux allèles pris dans la même population soient identiques. C'est une distance géométrique basée sur le calcul des fréquences alléliques. Cette distance considère un modèle mutation-dérive.

**b. Distance de Reynolds (1983)**

Cette mesure dérive de l'index de fixation  $F_{st}$ . Ce paramètre de distance génétique est estimé entre paire de populations stationnaires, de taille égale à  $2N$  et qui ont divergé il y a  $t$  générations selon la formule :

$$F_{st} = 1 - \left(1 - \frac{1}{2N}\right)^t \cong 1 - e^{-\frac{t}{2N}}$$

Si  $t$  est petit, alors :

$$F_{st} \approx \frac{t}{2N}$$

Reynolds a proposé de calculer les distances génétiques en fonction de ce paramètre par la formule suivante :

$$D = \ln(1 - F_{st}) \approx -\frac{t}{2N}$$

Cette distance mesure la divergence des populations due à la dérive génétique, donc appropriée à des temps courts où les mutations sont négligeables. Pour cette raison, la distance de Reynolds est considérée comme la distance la plus appropriée pour l'étude des relations phylogénétiques entre les races d'animaux domestiques (Baumung et al., 2004 ; Toro et Lero, 2004 ; Negrini et al., 2006). On appelle souvent cette distance le Coefficient de coancestralité.

**c. Corrélation entre matrices de distances génétiques**

Il peut être intéressant de comparer entre elles, des matrices de distances génétiques entre populations, se basant sur des théories évolutives différentes.

Nous avons effectué la corrélation entre les deux matrices de distance (distance standard de Nei et celle de Reynolds) en utilisant le test de Mantel, tel qu'il est mis en application dans le programme **XLstat** 5.03 (2014). Le test de Mantel consiste à étudier la corrélation entre deux matrices, ou plus, par un procédé de permutation (Mantel, 1967). La signification statistique des coefficients de corrélation a été estimée par analyse de permutation en utilisant 1000 répliques.

Mantel (1967) a proposé une première statistique pour mesurer la corrélation entre deux matrices de proximité (similarité ou dissimilarité) symétriques A et B de taille n :

$$z(AB) = \sum_{i=x}^{x-1} \sum_{j=i+1}^x a_{ij} b_{ij}$$

La statistique standardisée de Mantel, plus pratique, car variant entre -1 et 1, est le coefficient de corrélation de Pearson entre les deux matrices :

$$r(AB) = \frac{1}{n(n-1)/2 - 1} \sum_{i=x}^{x-1} \sum_{j=i+1}^x \left( \frac{a_{ij} - \bar{a}}{s_a} \right) \left( \frac{b_{ij} - \bar{b}}{s_b} \right)$$

### 6.6.2 Méthodes de construction des dendrogrammes

Les dendrogrammes sont des diagrammes qui traduisent graphiquement les degrés de similitude entre les groupes et qui sont hiérarchisés en effectuant des moyennes entre les distances (Solignac et al., 1995).

Une fois les distances de Nei et Reynolds sont calculées, différentes méthodes qui se distinguent par leurs hypothèses évolutives et leurs algorithmes ont été appliquées pour la construction des dendrogrammes. Nous avons choisi les méthodes du "Unweighted Pair Group Method Analysis" (UPGMA) (Sneath et Sokal, 1973) et de "Neighbor-Joining" (NJ) (Saitou et Nei, 1987), car elles sont les plus couramment utilisées.

Ces deux méthodes regroupent les populations en partant des plus ressemblantes pour aller jusqu'aux moins ressemblantes. Ainsi, dans une première étape, les populations les plus ressemblantes sont recherchées et regroupées. Une nouvelle matrice de distances est calculée dont le mode de calcul varie d'une méthode à l'autre (Laliberté, 1998).

#### a. Méthode "UPGMA"

C'est une méthode hiérarchique de construction d'arbre. Son principe est basé sur le fait que la distance entre deux clusters (populations ou groupes de populations) est égale à la moyenne arithmétique de toutes les distances, deux à deux entre les membres des deux clusters.

À chaque étape, les deux populations les plus proches vont être agglomérées et ainsi de suite jusqu'à ce que toutes les populations soient agglomérées pour obtenir l'arbre final. Cette construction impose l'hypothèse que les vitesses d'évolution sont identiques entre les différentes branches de l'arbre et donc que la distance mesurée sur l'arbre entre deux

populations est proportionnelle au temps de divergence entre ces dernières. Ces arbres sont donc naturellement enracinés.

#### **b. Méthode “Neighbor-Joining”**

Cet algorithme conduit à la construction d’un arbre dans lequel la distance entre deux objets est égale à la somme des branches qui les rattachent. Les longueurs des branches sont ici inégales et ont un sens : elles représentent la quantité d’évolution d’un objet depuis sa divergence.

Le principe de cette méthode est d’identifier les paires les plus proches, ou voisins, de manière à minimiser la longueur totale de l’arbre. Deux voisins sont deux objets connectés par un nœud simple dans un arbre non enraciné (c’est-à-dire qui n’a pas d’origine, et qui reflète des distances entre unités sans notion d’ancestralité). La topologie de l’arbre sera obtenue par regroupements successifs de paires de voisins. On démarre avec un arbre étoilé, où tous les objets sont à égale distance d’un nœud central, puis on définit des voisins de manière à ce que, s’ils sont regroupés, l’arbre a une longueur totale plus courte.

L’ensemble des dendrogrammes, que nous avons réalisé, a été obtenu par l’utilisation des logiciels **Popgene 1.32** (Yeh et al., 1997) et **Phylip** (Felsenstein, 1993), à partir des matrices de distances génétiques de Nei (1972) et celle de Reynolds (1983) respectivement, entre les 12 populations ovines étudiées avec les 15 microsatellites.

La stabilité des embranchements obtenus dans les arbres est estimée par la méthode de ré-échantillonnage dite du bootstrap (Felsenstein, 1985). Elle consiste à tirer au hasard, et avec remise, un ensemble de K caractères parmi, les K caractères constituant les données.

Dans notre étude, ce sont les marqueurs qui ont fait l’objet d’un rééchantillonnage. En effet, le tirage avec remise fait que, dans chaque nouvel échantillon, certains marqueurs sont présents plusieurs fois, d’autres sont absents, il y’a donc une pondération des différents marqueurs. Un grand nombre de nouveaux ensembles de données ont été ainsi créés (au total 1000) et ont été utilisés pour élaborer différents arbres, toujours avec la même méthode de classification. La comparaison des différents arbres permet d’estimer la fréquence d’apparition des regroupements entre les populations. Plus cette fréquence d’apparition est grande et plus le regroupement est considéré comme fiable.

Enfin, le niveau de différenciation des populations a été calculé à l’aide d’Analyses Hiérarchiques de Variance Moléculaire (AMOVA) réalisées par le logiciel **GenAlEx 6.5** (Peakall and Smouse 2006, 2012). Il s’agit d’une analyse de variance hiérarchique dont les données sont les distances génétiques entre individus et dont les hypothèses sont testées par

des tests de permutation. Cette analyse requiert de spécifier des groupes d'individus et d'assigner chaque individu à une sous population au sein des groupes.

L'AMOVA décompose la variance totale en 3 composantes :

- *Les variations entre les populations*
- *Les variations entre les individus à l'intérieur des populations*
- *Les variations dans les individus à l'intérieur des populations*

### 6.7 Analyse factorielle des correspondances (AFC)

L'analyse factorielle des correspondances (AFC) introduite par Benzécri et al. (1973), a été adaptée aux données génétiques diploïdes par She et al. (1987). L'AFC place chaque individu dans un hyper-espace à  $K$  dimensions ( $K$  étant le nombre total d'allèles présents sur l'ensemble des loci) et les projette sur les plans définis par les axes orthogonaux (donc indépendants) expliquant le mieux la dispersion des points (même principe que celui d'une régression). Une mesure de la pertinence des axes ainsi définis est représentée par le pourcentage d'inertie de chaque axe. Comme il y a  $K$  axes, un axe représentant  $100/K$  % d'inertie ne veut rien dire. L'inertie est donc proportionnelle non seulement à la quantité d'information que l'axe correspondant représente, mais est aussi fonction du nombre total d'axes (plus il y a d'axes et moins chaque axe peut avoir une très forte inertie). L'AFC est une procédure qui peut s'avérer utile pour classer les individus en fonction de leur proximité génétique.

Pour apprécier les relations phylogénétiques entre les 12 races ovines algériennes étudiées, les résultats du génotypage des 15 microsatellites ont été utilisés pour l'Analyse Factorielle des Correspondances (AFC). Dans cette méthode, les objets analysés sont représentés sous forme d'un nuage de points dans un hyperespace qui a autant de dimensions qu'il y a de modalités (Race et individus). L'algorithme détermine une série d'axes factoriels. Par convention, le premier axe est celui qui a la plus forte contribution à l'inertie totale **Genetix 4.03** (Belkhir et al., 2002).

### 6.8 Méthodes de clustering

Afin de mettre en évidence l'existence de groupes génétiquement distincts à l'intérieur d'une population, Pritchard et al. (2000) ont développé un algorithme basé sur des méthodes Bayésiennes de Clustering à l'aide de **Structure** (Pritchard et al., 2000).

Cette approche définit «  $K$  » sous-populations, en assignant les individus à un ou plusieurs groupes « clusters » avec un certain pourcentage, sans information a priori sur leur

appartenance à une population. Les analyses de **Structure** sont lancées, avec un 'burn-in' de 50000 suivi de 100000 itérations. En fixant  $K$  entre 2 et 12 suivit d'un jeu de vingt simulations MCMC (*Markov Chain Monte-Carlo*).

Pour la détermination de la valeur de  $K$  la plus vraisemblable et donc le nombre de sous populations le plus probable, la courbe d'évolution du log-likelihood en fonction de  $K$  peut montrer dans certains cas un maximum ou un plateau à un point donné, que l'on considère alors comme la valeur de  $K$  optimale (Pritchard et al., 2000). Cette méthode n'est pas toujours efficace, ce qui a motivé le développement d'une autre méthode pour le choix de  $K$  (Evanno et al., 2005). Cette deuxième méthode est basée sur la variation de second ordre du log-likelihood, qui semble plus efficace pour certaines données (Camus-Kulandaivelu, 2007).

Dans notre étude, nous avons évalué la valeur la plus probable de  $K$  en utilisant le taux de changement de second ordre  $\Delta(K)$  selon Evanno et al., (2005) à l'aide de l'application en ligne de **Structure Harvester version.0.6.1** (Earl and Vonholdt, 2011).

## 6.9 Méthodes d'affectation des individus à une population

La possibilité d'affecter un individu à une population constitue une approche particulière de l'étude de la diversité génétique entre les populations, puisqu'elle permet à partir d'un échantillon d'ADN d'identifier la race d'un individu de manière fiable. L'affectation a aussi une application beaucoup plus pratique, lors de l'inscription à titre initial d'un individu de généalogie inconnue à une race (Leroy, 2008).

L'affectation individuelle est définie comme la probabilité d'affectation d'un individu à une race, ceci est calculé en selon d'un algorithme proposé par Paetkau et al. (2004). Le principe est d'ignorer l'information sur l'origine raciale des animaux, de les classer en fonction de leur ressemblance sur la base des génotypes aux marqueurs microsatellites, de calculer la fiabilité de ce classement sur un grand nombre de répétitions (10000) et de comparer ensuite ce classement avec leur origine raciale. Le logiciel utilisé est **GeneClass2** (Piry et al. 2004). Le critère retenu pour l'affectation est celui de Rannala et Mountain (1997), un individu est classé dans la population pour laquelle la probabilité d'affectation est la plus élevée.

La méthode de fréquence calculée, en fonction du génotype de chaque individu, est d'estimer sa probabilité d'appartenance aux différentes races et de l'affecter à la race pour laquelle cette probabilité est maximale. Les populations sont supposées être à l'équilibre de Hardy-Weinberg (Gaouar, 2009).

---

# **RÉSULTATS ET DISCUSSION**

---



## Chapitre II. Résultats et discussion

### 1. Qualité des ADN extraits

Après dosage, les échantillons d'ADN extrait par la méthode NaCl montrent une bonne qualité du point de vue de la pureté d'ADN, aucun signe de contamination n'a été trouvé soit par les sels ou par les protéines. Une valeur moyenne de 1,74 a été enregistrée pour le rapport DO260/DO280 avec un intervalle [1.4-2.2]. En revanche, tous les échantillons présentent une concentration très élevée supérieure au 1000 ng/μl à cause de l'excès en ADN qui provient de la solution mère, ce qui nécessite une dilution.

L'utilisation de la technique NaCl « Salting Out » pour l'extraction d'ADN à partir du sang total d'ovine, a donné des résultats satisfaisants concernant la qualité des ADN extraite sur le plan de la pureté et de la quantité récupérée. La technique NaCl est très rentable et moins coûteuse par rapport aux Kits commerciaux.

### 2. Résultats du génotypage par séquenceur automatique

Après la fin de l'opération d'analyse des fragments d'ADN par le séquenceur automatique, l'analyse des électrophérogrammes obtenus a été réalisée manuellement, suite à une lecture directe des résultats obtenus et ce pour attribuer la taille moléculaire (Pb) réelle à chaque allèle. L'apparition des pics à une faible résolution est dû à cause des problèmes de qualité d'ADN (Pureté) ou à des erreurs techniques lors de la réalisation de la PCR, a été la cause de l'élimination de six échantillons (après une réanalyse de confirmation).

Les données de génotypages sont représentées sous forme d'une matrice avec, en colonne, les marqueurs et, en ligne, les individus. Chaque marqueur est représenté par deux formes génotypiques (homozygotes ou hétérozygotes) possédant une taille propre en paire de bases (Pb). Enfin, il faut noter que 7 individus ont été aussi (en plus des six ou non ? explique) éliminés à cause de l'échec d'amplification de leur ADN et aucune information n'a pu être observée après l'analyse des fragments. La matrice finale des données a été récupérée dans un fichier Excel et contient 296 génotypes pour les 15 marqueurs microsatellites étudiés (**Annexe 2**).

### 3. Analyse de la diversité génétique

#### 3.1 Équilibre de Hardy Weinberg

Le test exact de déviation par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW) a été réalisé en utilisant le logiciel **Genepop** (Raymond et Rousset, 1995). L'écart à la panmixie de chaque population a été déterminé d'après la comparaison des valeurs de la probabilité non biaisées

(P value) estimées en utilisant la méthode de chaîne de Markov (Guo et Thompson, 1992), ainsi, après une correction de Bonferroni (P-value inférieures à  $\alpha = 0.0033$ , cette correction consiste à diviser ( $\alpha = 0.05$ ) par le nombre de facteurs analysés : dans ce cas les 15 microsatellites étudiés).

Deux tests ont été utilisés: le premier est un test d'excès d'hétérozygoties et le deuxième est un test de déficit en hétérozygotes. Les races qui ne présentent ni un excès ni un déficit en hétérozygotes sont considérées en équilibre.

Dans cette présente étude, nous avons vérifié l'équilibre de Hardy Weinberg sur deux niveaux différents : par locus pour l'ensemble des races et par locus pour chaque race. La présence des déficits en hétérozygoties peut être expliquée par plusieurs facteurs. Il est possible que le mode d'union des reproducteurs ne soit pas panmictique (unions entre apparentés et/ou sélection des reproducteurs se font selon un mode homogame). La population peut aussi être structurée en sous-groupes (effet Wahlund). Enfin, ce déficit peut être dû à l'existence des allèles nuls (allèles ne donnant lieu à aucune amplification par PCR) (Laliberté, 1998).

#### **a. Test d'excès d'hétérozygoties**

Aucun excès d'hétérozygoties n'a été enregistré sur l'ensemble des populations pour tous les marqueurs étudiés pour les deux niveaux d'étude.

#### **b. Test de déficit en hétérozygoties**

À l'échelle du test global, les résultats indiquent que 10 populations sur les 12 étudiées présentent un déficit en hétérozygoties (Barbarine, Ouled Djellal, Dâraa, Rembi, Berbère, Taâdmit, Hamra, Sidaoun, Tazegzawt et D'men), dont les valeurs de  $P$  sont largement inférieures à  $\alpha$  (0,05) et cela même après correction de Bonferroni  $\alpha = 0,0033$ . La race Srandi et la race Ifilène ont les seules populations qui ne présentent ni excès ni déficit en hétérozygotes en prenant en considération l'ensemble des 15 microsatellites. Elles sont donc les seules races en équilibre pour les marqueurs analysés. Les races Ouled Djellal et Rembi détiennent le nombre le plus élevé (4 loci) en matière de déficit en hétérozygotie, suivie par les races : Hamra, Sidaoun et Tazegzawt avec 3 marqueurs en déficit d'hétérozygotie, le reste présente soit un ou deux marqueurs en déficit, il s'agit des races Barbarine, Berbère et Dâraa (**Tableau 9**). Ces résultats confirment ceux trouvés par Gaouar (2009), qui a expliqué ce phénomène de carence en hétérozygotie principalement par la subdivision des troupeaux en sous population (effet Wahlund) et l'effet père.

En analysant les résultats du test de déficit d'hétérozygote sur l'ensemble des populations pour chaque marqueur, nous observons que neuf loci : OARFCB193, OARFCB304,

INRA0132, BM1818, BM8125, MCM0527, CSR0247, OARFCB128 et HSC présentent un écart significatif à l'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW), pour le reste des marqueurs (06) INRA0123, OARCP34, D5S2, BM1329, OARJMP29 et MAF214 les valeurs de  $P$  sont supérieures à  $\alpha = 0,0033$  ce qui montre l'absence de déficit en hétérozygotie.

Ce déficit trouvé chez 9 loci sur 15 (environ 60 %), augmente probablement un risque génétique, en fait, les différentes régions du génome ne réagissant pas de la même manière face aux différentes forces évolutives, la proximité ou la liaison fonctionnelle d'un marqueur par rapport à une région importante du génome diminuerait sa probabilité à évoluer est donc sa variabilité génétique (Gaouar, 2009).

**Tableau 9.** Microsatellites en déséquilibre de Hardy-Weinberg ( $p < 0,0035$ ) pour les cinq populations étudiées. Les couleurs servent à identifier les mêmes marqueurs dans différentes populations

Races	Marqueur à l'écart de HW	P-value ( $\alpha = 0,0033$ )	Total
Barbarine	OARFCB193	0,0012	2
	OARFCB304	0,0021	
Ouled Djellal	OARFCB304	0,0000	4
	BM1818	0,0000	
	CSR0247	0,0000	
	HSC	0,0014	
Dâraa	OARFCB193	0,0002	1
Rembi	OARFCB193	0,0000	4
	OARFCB304	0,0006	
	BM1818	0,0000	
	BM8125	0,0000	
Berbère	OARFCB193	0,0012	1
Taâdmit	OARFCB304	0,0000	2
	BM1818	0,0004	
Hamra	BM1818	0,0000	3
	MCM0527	0,0005	
	HSC	0,0009	
Sidaoun	INRA0132	0,0025	3
	BM1818	0,0000	
	CSR0247	0,0022	
Tazegzawt	OARFCB193	0,0005	3
	OARFCB304	0,0010	
	CSR0247	0,0024	
D'men	OARFCB193	0,0031	2
	OARFCB128	0,0003	

## 3.2 Fiabilité des loci microsatellites

### 3.2.1 Détection des allèles nuls

Les allèles nuls sont fréquemment rencontrés dans les études de génétique des populations naturelles, bien que fréquemment ignorées. Il est même probable que bon nombre de déficits en hétérozygoties soient en fait dus à ce type d'allèle (De Meeûs, 2012). Les fréquences d'allèles nuls ( $p$ ) détectées dans cette étude sont insignifiantes. En fait,  $p$  est inférieur à 0,20 (<20 %) pour 100 % des 180 combinaisons locus  $\times$  population, avec une valeur maximale de  $p=0.18$  enregistré avec le microsatellite (HSC) (**Annexe 3**).

Habituellement, les fréquences d'allèles nuls ( $p$ ) inférieures à 0,4 et  $p < 0,20$  sont considérées acceptables dans la plupart des séries de données de microsatellites (Dakin et Avise, 2004). Donc, nous avons conservé tous les loci pour les analyses de la diversité et la structure génétique des populations de notre étude.

### 3.2.2 Déséquilibre de liaison

Ce paramètre de déséquilibre de liaison entre les loci explique l'indépendance de l'information apportée par chacun (Saleh, 2008). Dans cette présente étude, nous avons analysé le déséquilibre de liaison entre les paires de marqueurs à deux niveaux : à l'échelle des 12 populations étudiées et à l'échelle globale des populations (on considère toute les populations comme une seule race).

a. Les résultats obtenus après une analyse du déséquilibre d'association ( $P$  inférieur à  $\alpha = 0,05$ ) au niveau des 12 races ovines étudiées (Barbarine, Ouled Djellal, Ifilène, Srandi, Dâraa, Rembi, Berbère, Taâdmit, Hamra, Sidaoun, Tazegzawtet D'men) ont révélés un nombre de 45 cas de déséquilibre d'association parmi les 1260 combinaisons possibles entre les 15 microsatellites utilisés.

Neuf races des 12 étudiées (Barbarine, Ouled Djellal, Rembi, Berbère, Taâdmit, Hamra, Sidaoun, Tazegzawt et D'men) présentent des déséquilibres de liaison (**Annexe 4**), la race qui présente le plus de locus en déséquilibre est la race Hamra, avec 14 cas de déséquilibre identifiés, les mêmes résultats ont été rapportés par Gaouar. (2009) en utilisant 22 Microsatellites. Pour le reste des races : Barbarine : Ouled Djellal, Rembi, Berbère, Taâdmit, Sidaoun, Tazegzawt et D'men, le nombre de cas de déséquilibres d'associations est respectivement 3, 7, 3, 4, 4, 3, 5 et 2.

En absence de liaison physique entre ces microsatellites, ce résultat peut être expliqué par des relations fonctionnelles spécifiques à l'environnement, un comportement social différent d'une race à une autre et/ou une consanguinité élevée (Gaouar, 2009).

Environ 127 cas d'absence d'information ont été observés : 14 pour la race Rembi, 23 pour la race Ifilène Ouled Djellal, 15 pour la race Srandi, 59 pour la race Dâraa, deux cas pour la race Sidaoun et 14 pour la race D'men. L'absence d'information pour ces combinaisons est due à des données manquantes au niveau du tableau de contingence.

b. Le test de déséquilibre de liaison, pour chaque paire de locus dans l'ensemble des populations, met en évidence 9 cas de déséquilibres d'association : Ces cas sont les suivants :

- OARFCB304-D5S2
- INRA0123-D5S2
- OARCP34-D5S2
- INRA0132-D5S2
- OARCP34-CSR0247
- INRA0123-HSC
- BM8125-OARJMP29
- D5S2-MAF214
- OARJMP29-MAF214

Ce résultat peut être expliqué d'une part par un déséquilibre fonctionnel spécifique à l'espèce et/ou l'environnement n'a que peu ou pas d'influence et d'autre part, par la présence probable des microsatellites D5S2 et OARJMP29 dans une région à effet pléiotropique du génome.

### 3.2.3 Polymorphisme des marqueurs microsatellites

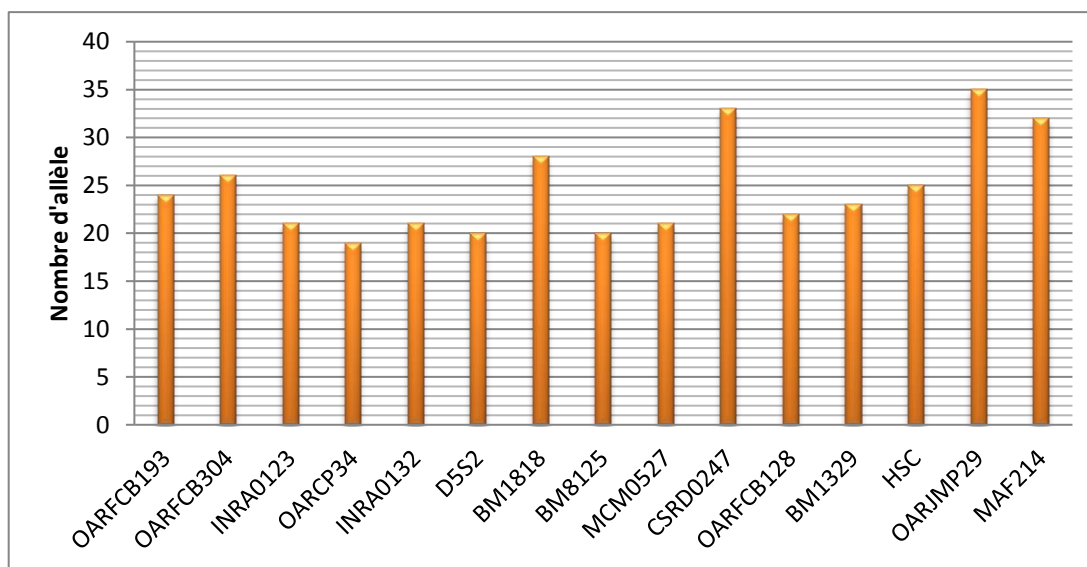
Les paramètres de la variabilité des loci étudiés sont présentés dans le tableau 10. Un total de 236 allèles est obtenu pour les 15 microsatellites. Le nombre d'allèles varie de 19 (OARCP34) à 35 (OARJMP29), avec une valeur moyenne de 24,67 (**Figure 34**). Le nombre d'allèles observés à un locus est une indication de sa variabilité génétique. Ainsi, selon Barker (1994) ce nombre doit être supérieur à 4 pour réduire l'erreur standard dans l'estimation des distances génétiques. Le nombre d'allèles efficaces (**Ae**) varie entre 5,6 (MAF214) et 10,25 (BM1818), avec une moyenne générale de 7,48.

Le PIC est un indice idéal pour mesurer le polymorphisme des marqueurs. Selon Botstein et al. (1980), un PIC supérieur à 0,50 indique un locus très informatif, un PIC compris entre 0,50 et 0,25 indique un locus moyennement informatif, et un PIC inférieur à 0,25 indique un locus peu informatif. Dans notre étude, toutes les valeurs de PIC se situent au-dessus de 0,80 avec une valeur maximale de 0,93 (BM1818) (**Tableau 10**). Généralement, les marqueurs utilisés dans cette étude sont très informatifs avec une valeur moyenne de 0,89 (PIC > 50 %). Ceci est en concordance avec le nombre important des allèles observés par locus.

À propos de la qualité des microsatellites, tous les loci utilisés dans cette étude présentent un bon niveau de polymorphisme selon la recommandation FAO/ISAG (2011) concernant le nombre minimal d'allèles pour les études de la diversité génétique dans les populations ovines.

L'hétérozygotie moyenne observée à travers les 15 microsatellites étudiés est de 0,82 avec une valeur maximale enregistrée de 0,89 (OARJMP29) et l'hétérozygotie moyenne attendue est de l'ordre de 0,90 et 0,94 enregistrée comme une valeur maximale pour le locus BM1818 (**Tableau 10**).

Dans cette présente étude, les valeurs moyennes obtenues du nombre d'allèles, hétérozygoties observées (**H<sub>o</sub>**) et hétérozygoties attendues (**H<sub>e</sub>**) sont plus élevées que celles des études réalisées par Ben Sassi-Zaidy et al. (2014) avec 17 microsatellites ; Gaouar et al. (2014, 2015 b, 2016a, 2016 b) avec 30 microsatellites, Loukovitis et al. (2016) avec 11 marqueurs et Othman et al. (2016) avec 22 microsatellites. Un haut niveau d'hétérozygotie observé peut-être s'explique par l'homogénéisation élevée et les croisements incontrôlés observés chez les troupeaux en Algérie (Gaouar 2002, 2009).



**Figure 35.** Nombre d'allèles mis en évidence pour chaque marqueur microsatellite dans les 12 populations ovines étudiées.

Les F-statistiques de Wright (1968)  $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  et  $F_{IT}$  ont permis de décrire le niveau statistiquement attendu d'hétérozygotie dans la population, ils ont été estimés pour chaque locus dans l'ensemble des populations étudiées. Le déficit d'hétérozygotie à l'intérieur des populations ( $F_{IS}$ ) varie entre -0,092 pour INRA0123 et 0,147 pour BM1818 avec une moyenne totale de 0,032 pour l'ensemble des loci. Cinq marqueurs INRA0123, OARCP34, BM8125, OARJMP29 et MAF214 ont présenté des valeurs de  $F_{IS}$  négatives ce qui signifie

que, dans l'ensemble des populations, il y a eu plus d'hétérozygotes que prévu pour ces marqueurs.

La valeur  $F_{IT}$  représente le déficit global en hétérozygoties dans les populations. Le tableau 10 montre les valeurs des paramètres de  $F$ -statistiques obtenues pour l'ensemble des 12 populations ovines étudiées et pour chaque microsatellite. Les valeurs de  $F_{IT}$  varient de -0,027 pour le marqueur INRA0123 à 0,196 pour le marqueur BM1818, la valeur moyenne est de 0,088. La moyenne de l'indice de fixation de chaque population ( $F_{ST}$ ) est de 0,057, variant de 0,089 pour CSRD0247 à 0,043 pour HSC (**Tableau 10**).

Nous avons obtenu une valeur de  $F_{ST}$  égale à 0,057 indiquant une différenciation génétique modérée entre les 12 populations ovines étudiées. En effet, 5,7 % de la variabilité totale est ainsi due à des différences entre les populations alors que les différences intra populationnelles expliquent 94,3 % de la variabilité totale.

La valeur globale obtenue par  $D_{ST}$  décrivant la diversité entre les races est de 0,017, le coefficient de différenciation des gènes ( $G_{ST}$ ) varie entre 0,003 (HSC) et 0,055 (CSRD0247) et la diversité totale des gènes ( $H_T$ ) de Nei varie entre 0,856 (MAF214) et 0,940 (BM1818) avec un moyen total de 0,900 (**Tableau 10**). Ces résultats révèlent une faible diversité génétique entre les populations ovines étudiées. En effet, les valeurs moyennes des valeurs de  $D_{ST}$  et  $G_{ST}$  enregistrés dans cette étude sont faibles par rapport à celles des races ovines Turque (Yilmaz et al., 2014), des races ovines Suisses (Stahlberger-Saitbekova et al., 2001) et des races ovines locales Nigériennes (Agaviezor et al., 2012), en revanche elles sont plus élevées à celles rapportées par Hoda et Marsan (2012) sur les races ovines en Albanie. Sur l'ensemble des loci, la valeur moyenne de la différenciation des populations ( $G_{ST}$ ) est égale à 0,022 c'est-à-dire que la variation génétique totale chez la population ovine locale algérienne est expliquée par 2,2 % entre les différentes populations, tandis que 98,1 % de cette variation est expliqué par la différence entre les individus.

De manière générale, les résultats obtenus pour la majorité des paramètres génétiques étudiée par les 15 microsatellites sont plus élevés que ceux rapportés par Farid et al. (2000); Arranz et al. (2001); Santos-Silva et al. (2008); Jyotsana et al. (2010); Hoda et Marsan (2012); Gaouar et al. (2014, 2015 b, 2016a, 2016 b); Yilmaz et al. (2014), Kdidi et al. (2015) et Othman et al. (2016). Donc, ces marqueurs génétiques utilisés dans cette étude ont un grand pouvoir de révélation de la diversité génétique des races ovines.

**Tableau 10.** Valeurs des paramètres génétiques pour chaque locus choisi et chez toutes les races ovines étudiées

Loci	N	Taille des Allèles (Pb)	Na	Ne	PIC	Ho	He	$\hat{H}$	F <sub>IS</sub>	F <sub>IT</sub>	F <sub>ST</sub>	D <sub>ST</sub>	G <sub>ST</sub>	H <sub>T</sub>	Nm*
OARFCB193	293	88-138	22	6,29	0,88	0,73	0,89	0,83	0,146	0,210	0,075	0,028	0,038	0,896	3,07
OARFCB304	289	140-192	26	7,08	0,89	0,73	0,90	0,84	0,115	0,162	0,054	0,011	0,016	0,893	4,41
INRA0123	295	191-229	21	8,06	0,91	0,93	0,92	0,86	-0,092	-0,027	0,059	0,024	0,028	0,914	4,00
OARCP34	293	100-134	19	5,79	0,85	0,83	0,87	0,81	-0,033	0,027	0,058	0,020	0,025	0,866	4,08
INRA0132	294	142-184	21	8,34	0,91	0,86	0,92	0,87	0,010	0,063	0,054	0,020	0,020	0,921	4,38
D5S2	290	160-216	20	6,18	0,88	0,70	0,89	0,82	0,022	0,101	0,081	0,036	0,048	0,897	2,83
BM1818	276	242-296	28	10,25	0,93	0,74	0,94	0,89	0,147	0,196	0,057	0,017	0,015	0,941	4,11
BM8125	295	100-138	20	7,61	0,89	0,89	0,90	0,85	-0,059	-0,012	0,044	0,012	0,013	0,894	5,37
MCM0527	285	151-191	21	6,61	0,87	0,79	0,88	0,84	0,081	0,122	0,044	0,009	0,005	0,884	5,47
CSR0247	284	199-263	33	6,48	0,90	0,80	0,91	0,81	0,008	0,097	0,089	0,042	0,055	0,897	2,54
OARFCB128	293	94-136	22	6,47	0,88	0,84	0,89	0,83	0,021	0,081	0,061	0,017	0,027	0,887	3,84
BM1329	293	126-194	23	9,67	0,92	0,85	0,93	0,89	0,053	0,096	0,045	0,005	0,009	0,932	5,30
HSC	277	261-311	25	10,02	0,92	0,82	0,93	0,89	0,113	0,153	0,045	0,001	0,003	0,930	5,32
OARJMP29	295	94-162	34	7,76	0,89	0,89	0,90	0,85	-0,042	0,003	0,043	0,004	0,011	0,897	5,57
MAF214	296	179-257	32	5,60	0,84	0,82	0,86	0,80	-0,010	0,044	0,053	0,012	0,020	0,854	4,47
<b>Moyenne</b>			<b>24,46</b>	<b>7,48</b>	<b>0,89</b>	<b>0,82</b>	<b>0,90</b>	<b>0,85</b>	<b>0,032</b>	<b>0,088</b>	<b>0,057</b>	<b>0,017</b>	<b>0,022</b>	<b>0,90</b>	<b>4,32</b>

(*Na*) Nombre d'allèles, (*Ne*) Nombre efficace d'allèles, (*PIC*) Contenu de l'information polymorphe, (*Ho*) Hétérozygotie observée, (*He*) Hétérozygotie attendue, ( $\hat{H}$ ) Hétérozygotie moyenne, (*F<sub>IS</sub>*, *F<sub>IT</sub>*, *F<sub>ST</sub>*) F-statistiques de Wright (Wright 1931; Weir et Cockerham. 1984); (*H<sub>T</sub>*) La diversité des gènes de Nei, (*D<sub>ST</sub>*) La diversité entre races, (*G<sub>ST</sub>*) Coefficient de différenciation des gènes, (*\*Nm*) flux génétique estimé pour  $Nm = 0,25 (1 - F_{ST}) / F_{ST}$  (Nei. 1987) par logiciel *Popgene* (Yeh et al., 1997).



### 3.3 Diversité intra populationnelle

Le cheptel ovin algérien a subi une augmentation considérable ces dernières années, ce qui a fait que l'espèce ovine occupe actuellement une position importante par rapport aux autres animaux d'élevage.

L'identification des races ovines est devenue un phénomène très important en Algérie. L'identification génétique à base moléculaire est un outil très important que les enregistrements de performance et les évaluations morphologiques des élevages ovins doivent prendre en considération.

L'étude de la variabilité intra-race a été réalisée en utilisant les résultats du génotypage de 296 animaux appartenant aux 12 races analysés avec les 15 microsatellites.

#### 3.3.1 Diversité allélique

L'analyse de l'ensemble des fréquences alléliques pour chaque race donne une idée sur la variabilité génétique au sein de chacune d'entre elles, mais cette information reste trop vague et ne donne pas une idée précise sur la différenciation des races. L'analyse des autres indicateurs de la variabilité va révéler plus d'information sur leur diversité génétique intra-populations. Les paramètres de la diversité génétique au sein des populations sont présentés dans le **tableau 11**.

#### 3.3.2 Nombre allélique

Il représente le nombre total d'allèles ( $N_a$ ) pour un locus donné. Ce paramètre peut toutefois être sous-estimé si le nombre d'individus typés est faible et le marqueur très polymorphe, les allèles rares ayant alors peu de chance d'être échantillonnés (Rognon, et Verrier, 2007).

D'après les résultats obtenus pour les 12 races étudiées, on remarque que le nombre d'allèles par race varie de 131 à 267 avec une moyenne de 198,83, le nombre moyen d'allèles par locus (MNA) est plus élevé chez la race Ouled Djellal avec 17,67 suivis par la race Rembi avec 15,8, le plus faible nombre moyen d'allèles a été enregistré chez les races Dâraa et Ifilène avec 8,73 et 9,07 respectivement, ceci peut être expliqué par la taille des échantillons (**Tableau 11**) (Andru, 2012).

Le niveau de la variabilité génétique au sein de nos populations étudiées est plus élevé que celui qui a été trouvé par Gaouar et al. (2015 b) chez les mêmes races, cela s'explique en partie par la méthode d'échantillonnage. En effet, lors de l'étude menée par Gaouar et al. (2015 b) l'échantillonnage a été réalisé en grande partie au niveau des stations expérimentales où le système d'élevage est contrôlé.

### 3.3.3 Richesse allélique (Ra)

La richesse allélique a été calculée avec le logiciel **Fstat** (Goudet, 2001) qui pondère le nombre d'allèles par rapport à la taille de l'échantillon et limite le biais dû à l'échantillonnage. Les valeurs de la richesse allélique sont comprises entre 8 et 9 pour toutes les races étudiées sauf la race Ifilène qui enregistre une faible valeur qui est de l'ordre de 7,72. La race Ouled Djellal est la plus riche en nombre d'allèles parce que c'est une race dominante qui détient la plus grande partie d'effectif du cheptel ovin national, cet avantage du nombre lui permet d'envahir tout le territoire national par rapport au détriment des autres races. Les races Barbarine, Hamra et Tazegzawt ont aussi présentées une richesse allélique très importante qui est respectivement 9,6, 9,27 et 9,08. Dans notre étude la richesse allélique est de l'ordre de 8,78 pour l'ensemble des 12 populations étudiées, ce qui est relativement important dans les études de caractérisation des races ovines (**Tableau 11**).

### 3.3.4 Nombre efficace d'allèles (Ae)

Le nombre efficace d'allèles ( $N_e$ ) est défini comme l'inverse de la probabilité que deux marqueurs, pris au hasard, présentent le même allèle (Rognon et Verrier, 2007). Le nombre d'allèles efficaces (Ae) pour la population ovine algérienne est de 8,00. Il varie de 6,12 pour la race Dâraa 10,46 pour la race Ouled Djellal. Les races à appellation nouvelle : Dâraa, Ifilène et Srandi présentent de faibles taux en matière du nombre efficace d'allèles avec des valeurs respectivement 6,12, 6,17 et 6,85 (**Tableau 11**). Ces races menacées possèdent une faible taille d'effectif qui requiert une mise en place rapide d'un programme de conservation génétique.

**Tableau 11.** Mesure de la diversité génétique de 12 races ovines Algériennes

Races	NTA	MNA	Ae	Ra
Barbarine	220	14,67	8,66	9,6
Ouled Djellal	267	17,80	10,46	9,76
Ifilène	136	9,07	6,17	7,72
Srandi	157	10,47	6,85	8,45
Dâraa	131	8,73	6,12	8
Rembi	237	15,80	8,98	8,78
Berbère	200	13,33	7,90	8,61
Taâdmit	204	13,20	7,30	8,34
Hamra	215	14,60	9,18	9,27
Sidaoun	206	13,67	8,27	8,85
Tazegzawt	222	14,87	8,15	9,08
D'men	188	12,87	8,02	8,66
<b>Moyenne</b>	<b>198,58</b>	<b>13,24</b>	<b>8,00</b>	<b>8,76</b>

*NTA* : Nombre total des allèles *MNA* : Nombre moyen des allèles, *Ae* : Nombre d'allèles efficaces, *Ra* : Richesse allélique.

### 3.3.5 Allèles privés

Les allèles privés sont une source de diversité génétique (Petit et al., 1998). Un total de 41 allèles privés a été observé pour l'ensemble des populations étudiées (**Tableau 12**), dont 9 sont spécifiques à la race Ouled Djellal, 6 et 5 pour la race Barbarine et Tazegzawt respectivement. Le reste des races partage entre eux 21 allèles privés, toutes les populations étudiées présentent au moins un allèle privé. Les races Dâraa et Ifilène, avec deux allèles privés ainsi que les races Srandi, Rembi, Taâdmit et Hamra. La race D'men présente 3 allèles privés et les deux races Berbère et Sidaoun montrent 4 allèles privés.

La majorité de ces allèles privés sont exprimés par de faibles fréquences, dont la fréquence maximale est de l'ordre de **6,3 %** pour l'allèle 281 (OARJMP29) chez la race berbère, la faiblesse de ces fréquences indique une faible contribution de ces allèles à la variation génétique. Par ailleurs l'existence de nombreux allèles privés dans une population démontre son originalité (Fotsa, 2008). La majorité des marqueurs génétiques utilisés dans cette étude présentent au moins un allèle privé (**Tableau 12**), le microsatellite (BM8125) quant à lui est dépourvu d'allèle privé. Par contre il existe d'autres marqueurs microsatellites avec plus de 5 allèles privé (par exemple sept allèles privés, il s'agit du marqueur (OARJMP29)).

Tableau 12. Allèles privés pour chaque locus et chaque population

Locus	BB	OJ	IL	SR	DR	RB	BR	TD	HR	SD	TG	DM	Total
OARFCB193			94 (4,5 %)	104 (3,8 %)							88 (1,7 %) 96 (1, % 7)		4
OARFCB304	192 (2,4 %)												1
INRA0123												229 (2,6 %)	1
OARCP34		106 (1,4 %)						103 (1,7 %)				134 (2,6 %)	3
INRA0132											184 (1,7 %)		1
D5S2	178 (2,4 %)	184 (1,4 %) 214 (1,4 %)		160 (3,8 %)			212 (2,2 %)						5
BM1818										258 (1,7 %)			1
BM8125													0
MCM0527	161 (4,8 %)												1
CSRD0247		199 (2,8 %)					201 (2,2 %) 243 (2,2 %)			263 (1,9 %)			4
OARFCB128		259 (2,8 %)											1
BM1329								126(1,7 %)		194(1,7 %)			2
HSC				309(6,3 %)		261(1,3 %)	281(6,3 %)		299(1,8 %)				4
OARJMP29	106 (2,4 %)	152(2,8 %)							110(1,7 %)	162(1,7 %)	96(1,7 %) 120(1,7 %)	108(2,6 %)	7
MAF214	193 (2,4 %) 195 (4,8 %)	221(1,4 %) 237(1,4 %) 239(1,4 %)				247(2,4 %)							6
<b>Total</b>	<b>6</b>	<b>9</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>4</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>3</b>	<b>41</b>

BB: Barbarine, OJ :Ouled Djellal, IL: Ifilène, SR: Srandi, DR :Dâraa, RB : Rembi, BR: Berbère, TD:Taâdmit, HR : Hamra, SD:Sidaoun, TG:Tazegzawt, DM : D'men

### 3.3.6 L'hétérozygotie observée et attendue

Le **tableau 13** résume les différents taux d'hétérozygotie observé (Hobs), attendu (He) et non biaisé (Hnb) calculés grâce au logiciel **GenALEx 6.5** (Peakall et Smouse 2006, 2012) pour les 15 microsatellites analysés. En raison du faible nombre d'échantillons représentant certaines races étudiées (par exemple 10 pour la race Dâraa), il est préférable de considérer l'hétérozygotie attendue non biaisée. En effet, puisque les taux d'hétérozygotie observé et théorique varient selon le nombre d'allèles détectés, ils peuvent être sous-évalués si l'échantillonnage est trop faible.

Le plus faible taux d'hétérozygotie non biaisé enregistré est évidemment celui des races à faibles effectifs, il s'agit des races Ifilène (0,861), Srandi (0,860) et Dâraa (0,870), tandis que le taux le plus important est celui de la race Ouled Djellal (0,914) qui présente la plus importante diversité génétique, parmi les 12 races étudiées, pour les 15 marqueurs analysés. Les taux moyens d'hétérozygoties attendus non biaisés, pour les races restantes sont compris entre 0,871 et 0,872 pour la race Taâdmit et Tazegzawt respectivement et pour le reste des races Berbère, Sidaoun, Rembi D'men, Barbarine et Hamra, les valeurs d'hétérozygoties attendus non biaisés sont respectivement (0,88 ; 0,884 ; 0,89 ; 0,894 ; 0,895 et 0,901) (**Tableau 13**).

On remarque que ces taux sont beaucoup influencés par le nombre total d'allèles que possède chaque race, puisque celles qui présentent le plus faible taux d'hétérozygotie sont celles qui présentent le moins d'allèles, mais cette influence n'est pas proportionnelle puisque les contextes zootechniques et environnementaux ne sont pas les mêmes : effet père, déséquilibre d'association, sélection et la consanguinité (**Tableau 13**).

Nous constatons que l'hétérozygotie observée est inférieure à l'hétérozygotie attendue non biaisée pour la population ovine algérienne totale et pour chaque race étudiée avec des valeurs comprises entre 0.754 (Ifilène) et 0.844 (Hamra). Le taux d'hétérozygotie attendu non biaisé moyen est égal à  $(0,883 \pm 0,003)$ , ce qui montre que dans l'ensemble, les races étudiées présentent une diversité génétique importante en considérant les résultats obtenus pour les 15 microsatellites étudiés. En effet, l'hétérozygotie moyenne des 12 races ovines locales algériennes semble nettement plus élevée que celles rapportées dans la littérature, par exemple, 0.66 chez les races turques (Yilmaz et al., 2014) ; 0.800 et 0.650 respectivement pour les races tunisiennes (Ben Sassi-Zaidy et al., 2014 et Kdidi et al., 2015) ; 0,662 pour les races marocaines (Gaouar et al., 2016a) ; 0,660 et 0.780 respectivement pour les races

algériennes (Gaouar et al., 2015 b et 2016 b) ; 0,694 pour les races grecques (Loukovitis et al., 2016) et 0.710 pour les races égyptiennes (Othman et al., 2016).

**Tableau 13.** Hétérozygoties attendues, observées et non biaisées avec erreur standard pour chaque race ovine sur l'ensemble des 15 microsatellites étudiés.

Races	Hétérozygotie moyenne		
	Ho ±SE	He ±SE	Hnb ±SE
<b>Barbarine</b>	0,838 ±0.027	0.874 ±0.012	0,895 ±0,012
<b>Ouled Djellal</b>	0,837 ±0.020	0.901 ±0.005	0,914 ±0,005
<b>Ifilène</b>	0.830 ±0.019	0.821 ±0.014	0,861 ±0,014
<b>Srandi</b>	0.829 ±0.023	0.836 ±0.014	0,870 ±0,015
<b>Dâraa</b>	0.754 ±0.032	0.825(0.012	0,870 ±0,013
<b>Rembi</b>	0.802 ±0.026	0.879 ±0.009	0,890 ±0,009
<b>Berbère</b>	0.808 ±0.026	0.861 ±0.012	0,880 ±0,012
<b>Taâdmit</b>	0.823 ±0.025	0.856 ±0.008	0,871 ±0,008
<b>Hamra</b>	0.844 ±0.023	0.885 ±0.006	0,901 ±0,006
<b>Sidaoun</b>	0.830 ± 0.027	0.868 ±0.009	0,884 ±0,010
<b>Tazegzawt</b>	0.835 ±0.027	0.857 ±0.014	0,872 ±0,015
<b>D'men</b>	0.822 ±0.029	0.870 ±0.008	0,894 ±0,008
<b>Moyenne</b>	<b>0,821 ±0,007</b>	<b>0,861 ±0,004</b>	<b>0,883 ±0,003</b>

*Ho* : hétérozygotie observée ; *He*: hétérozygotie attendue ; *Hnb*: hétérozygotie non biaisé (Nei 1978).

### 3.4 Diversité inter populationnelle

#### 3.4.1 Paramètres de différenciation des populations

La méthode la plus classique de caractérisation des populations, et peut-être la plus ancienne, est celle des indices de fixation proposée par **Wright (1969)**. En effet, les F-statistiques permettent de décrire la structure des populations, la répartition de la variabilité génétique entre et au sein des populations en estimant la variance standardisée des fréquences alléliques entre les sous populations (**Wright, 1978**). Les *F*- statistiques de Wright permettent aussi de connaître la structure génétique d'une espèce grâce à l'estimation, d'une part, de la fixation des allèles dans l'ensemble des populations ( $F_{IT}$ ) et à l'intérieur des sous-populations( $F_{IS}$ ) et, d'autre part, de la différenciation génétique entre les sous populations ( $F_{ST}$ ).

##### a. Indice de fixation $F_{IS}$

$F_{IS}$  ou le coefficient de consanguinité est théoriquement compris entre  $[-1 ; +1]$ ,  $F_{IS} < 0$  signifie que la sous-population présente un excès d'hétérozygoties qui peut être dû :

- À un régime de reproduction hétérogame (entre individus différents) ou

- À une sélection des hétérozygoties au locus considéré

Alors que, si le  $F_{IS} > 0$ , cela signifie que la sous population présente un déficit d'hétérozygoties dû :

- À un régime de reproduction fermé (consanguinité ou homogamie) ou à une sous structuration lors de l'échantillonnage,
- À la présence d'allèles nuls ou
- À une sélection des individus homozygotes au locus considéré.

Dans notre étude, les valeurs moyennes de  $F_{IS}$  calculées pour l'ensemble des loci par population (**Tableau 14**), sont toutes positives, variant de 0,038 pour la race Ifilène à 0,14 pour la race Dâraa avec une moyenne de 0,072, six sur douze races étudiées n'ont pas montré une différence significative. Plusieurs facteurs peuvent contribuer à une hétérozygotie plus faible que prévu et donc un déficit en hétérozygotie dans une population, dont le plus répandu est la consanguinité (accouplement entre un individu et ses ascendants, ses collatéraux et/ou ses descendants) qui modifie les fréquences génotypiques et le déficit aurait une incidence sur l'ensemble des loci (Hoda et Marsan, 2012).

La présence d'allèles nuls est un autre facteur qui peut également causer un déficit d'hétérozygotie dans la population. Dans la présente étude, le test de présence d'allèles nuls n'était pas concluant (**Annexe 3**). L'explication la plus probable de ce déficit est la présence de sous populations à l'intérieur de la race, ce qui peut conduire à un effet Wahlund (Gaouar, 2009). Ce dernier consiste au fait que deux sous-populations, échangeant peu de gènes et ayant de ce fait leur fréquence allélique propre, se qui conduit à observer un déficit en hétérozygotes vis-à-vis de l'EHW.

Tableau 14. Valeurs des  $F_{IS}$  par locus et par population

	<b>BB</b>	<b>OJ</b>	<b>IL</b>	<b>SR</b>	<b>DR</b>	<b>RB</b>	<b>BR</b>	<b>TD</b>	<b>HR</b>	<b>SD</b>	<b>TG</b>	<b>DM</b>	<b>Moyenne</b>
<b>OarFCB193</b>	0,255	0,120	-0,017	0,130	0,376	0,157	0,097	0,073	0,049	0,102	0,290	0,220	<b>0,154</b>
<b>OarFCB304</b>	0,175	0,200	0,077	0,080	0,097	0,244	0,168	0,251	0,137	0,235	0,213	0,020	<b>0,158</b>
<b>INRA0023</b>	0,024	0,066	0,020	-0,018	0,000	-0,048	-0,059	-0,137	-0,065	-0,107	-0,145	-0,021	<b>-0,041</b>
<b>OarCP34</b>	-0,110	0,142	-0,133	-0,047	0,176	0,069	-0,005	0,088	0,075	0,008	-0,174	0,088	<b>0,015</b>
<b>INRA0132</b>	-0,058	0,039	0,245	-0,063	-0,059	0,042	0,022	0,136	0,104	0,055	0,009	-0,009	<b>0,039</b>
<b>D5S2</b>	0,250	0,147	-0,105	0,166	-0,013	0,140	0,137	0,011	-0,100	0,229	-0,006	-0,012	<b>0,070</b>
<b>BM1818</b>	0,069	0,235	0,082	0,126	0,236	0,337	0,190	0,211	0,101	0,118	0,173	0,308	<b>0,182</b>
<b>BM8125</b>	-0,039	-0,010	-0,081	-0,121	-0,080	0,196	0,074	-0,162	0,056	-0,055	-0,013	-0,054	<b>-0,024</b>
<b>MCM0527</b>	0,028	0,078	-0,070	0,127	0,438	0,091	0,299	0,038	0,183	-0,021	0,008	0,154	<b>0,113</b>
<b>CSR0247</b>	0,021	0,124	-0,047	0,044	-0,075	0,055	0,073	0,063	0,050	0,248	0,067	0,095	<b>0,060</b>
<b>OARFCB128</b>	0,021	0,081	0,022	0,118	0,187	-0,004	0,069	-0,071	0,021	-0,089	0,067	0,287	<b>0,059</b>
<b>BM1329</b>	0,135	-0,013	0,231	0,178	0,259	-0,001	-0,036	0,234	0,234	0,084	-0,006	-0,036	<b>0,105</b>
<b>HSC</b>	0,099	0,152	0,212	0,147	0,314	0,137	-0,015	0,013	0,209	0,125	0,045	0,166	<b>0,134</b>
<b>OARJMP29</b>	0,022	-0,044	-0,036	-0,063	0,133	0,100	0,188	-0,015	-0,056	-0,050	-0,029	-0,051	<b>0,008</b>
<b>MAF214</b>	0,096	-0,057	0,075	-0,108	0,020	-0,023	0,049	0,081	-0,073	0,059	0,162	0,062	<b>0,029</b>
<b>Moyenne</b>	<b>0,065**</b>	<b>0,084***</b>	<b>0,038</b>	<b>0,049</b>	<b>0,140**</b>	<b>0,100***</b>	<b>0,083**</b>	<b>0,056</b>	<b>0,062</b>	<b>0,063</b>	<b>0,046</b>	<b>0,082*</b>	<b>0,072</b>

Valeur significative avec (\* $p < 0,05$  ; \*\* $p < 0,01$  ; \*\*\* $p < 0,001$ ).

**BB:** Barbarine, **OJ:** Ouled Djellal, **IL:** Ifilène, **SR:** Srandi, **DR:** Dâraa, **RB:** Rembi, **BR:** Berbère, **TD:** Taâdmit, **HR:** Hamra, **SD:** Sidaoun, **TG:** Tazegzawt, **DM:** D'men



**b. Indice de différenciation  $F_{ST}$** 

Le  $F_S$  mesure la différenciation entre groupes ou sous populations. Ce paramètre est compris entre 0 et 1. Un  $F_{ST} > 0$  reflète une différenciation entre les populations. Le minimum 0 indique une absence de divergence génétique entre les populations. 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 importante différenciation génétique
- L'intervalle  $F_{ST} > 0,25$  : indique une très importante différenciation génétique

Le **tableau 15** donne les valeurs de  $F_{ST}$  entre les différentes populations ovines étudiées, il existe une faible différenciation entre les 12 populations ovines étudiées. En effet, toutes les valeurs  $F_{ST}$  sont comprises entre 0,013 et 0,040. La plus grande valeur de  $F_{ST}$  (0,040) a été observée entre les deux paires de race, D'men avec Ifilène et D'men avec Srandi. Par contre, la valeur minimale de  $F_{ST}$  (0,013) est enregistrée entre les populations de Rembi et Berbère, elle indique une absence de divergences génétiques entre ces deux populations.

D'une manière générale, les valeurs de  $F_{ST}$  obtenues ont divisé la population ovine algérienne en deux groupes. Le premier regroupe les races du Nord algérien à savoir Rembi, Berbère, Taâdmit et Ouled Djellal, Barbarine, Dâraa et Srandi et le deuxième rassemble majoritairement les races du Sud algérien (Sahara), il s'agit des races Hamra, D'men et Sidaoun. Néanmoins, ce regroupement a fait l'exception pour deux races, il s'agit de la race Tazegzawt et la race Ifilène qui sont mal classées suivant leurs positions géographiques. En fait, la race Tazegzawt est une race du nord a été classée avec des races du sud et la race Ifilène est une race du sud a été classée avec des races du nord, ceci est probablement dû au processus de formations de ces deux races, en effet, ce résultat reste préliminaire et demande d'autres études.

Néanmoins, le classement des autres races est déjà confirmé, il s'agit la race Rembi et la race Taâdmit qui sont des races croisées issues directement par un croisement avec la race Ouled Djellal, on remarque aussi ces dernières années un envahissement (surtout au Nord) par la race Ouled Djellal qui est préférée par les éleveurs sur le plan zootechnie. Le même phénomène d'envahissement est remarqué pour les races du sud où c'est la race Sidaoun qui est en train d'envahir les berceaux des autres races. Cela explique les faibles valeurs de  $F_{ST}$  enregistrées entre les races étudiées.

Ces résultats de différenciation entre les paires des 12 races ovines sont confirmées par Gaouar et al. (2015 b) avec 30 Microsatellites et (2016 b) avec SNP qui divise la population ovine en deux groupes : le premier formé par les races (Ouled Djellal, Rembi et Taâdmit) et le deuxième renferme les races (D'men, Hamra et Sidaoun) avec des valeurs de  $F_{ST}$  respectivement de 0,011 et 0,077.

**Tableau 15.** Valeurs de  $F_{ST}$  entre les paires de 12 populations

Races	BB	OJ	IL	SR	DR	RB	BR	TD	HR	SD	TG	DM
<b>BB</b>	-											
<b>OJ</b>	0,020*	-										
<b>IL</b>	0,029*	0,027*	-									
<b>SR</b>	0,031*	0,018	0,026	-								
<b>DR</b>	0,031	0,025	0,024	0,021	-							
<b>RB</b>	0,019*	0,014*	0,025*	0,019*	0,025	-						
<b>BR</b>	0,022*	0,014*	0,025	0,020	0,022	<b>0,013*</b>	-					
<b>TD</b>	0,028*	0,019*	0,027*	0,026*	0,024	0,015*	<b>0,013</b>	-				
<b>HR</b>	0,027*	0,018*	0,036*	0,034*	0,032*	0,022*	0,026*	0,024*	-			
<b>SD</b>	0,027*	0,017*	0,029*	0,028*	0,029*	0,021*	0,020*	0,022*	0,018*	-		
<b>TG</b>	0,031*	0,023*	0,034*	0,031*	0,028*	0,024*	0,023*	0,024*	0,022*	0,018*	-	
<b>DM</b>	0,030*	0,020*	<b>0,040*</b>	<b>0,040*</b>	0,038*	0,024*	0,025*	0,027*	0,019	0,022*	0,030*	-

\* : Valeur significative avec  $P < 0,001$  (Par logiciel : **ARLEQUIN 3.5.2.2**(Excoffier et Lischer 2010)  
**BB**: Barbarine, **OJ** : Ouled Djellal, **IL**: Ifilène, **SR**: Srandi, **DR** : Dâraa, **RB**: Rembi, **BR**: Berbère, **TD** : Taâdmit, **HR** : Hamra, **SD** : Sidaoun, **TG**: Tazegzawt, **DM** : D'men.

### c. Flux des gènes

Le flux de gènes ( $Nm$ ) entre les paires des populations étudiées présente une valeur relativement importante (**46,58**) entre la race Berbère et la race Taâdmit suivit la race Berbère et la race Rembi (**33,79**). La valeur de  $Nm$  (**5,45**) la plus faible est enregistrée entre la race D'men et la race Srandi (**Tableau 16**). En général, les résultats obtenus pour le flux de gène entre les races ovines étudiées sont très faibles ( $10,60 \pm 2,94$ ), donc, il y a un équilibre d'échange entre les populations ovines, ceci est dû principalement à l'homogénéisation des races suit au non-respect des berceaux.

**Tableau 16.** Flux des gènes entre les paires des 12 populations ovines

Races	BB	OJ	IL	SR	DR	RB	BR	TD	HR	SD	TG	DM
<b>BB</b>	-	12,54	12,32	9,01	12,89	13,77	13,39	7,40	7,69	7,72	6,26	7,86
<b>OJ</b>		-	12,10	<b>32,85</b>	20,18	19,39	27,84	11,30	13,79	14,69	8,71	13,52
<b>IL</b>			-	37,48	21,02	13,65	19,37	11,71	6,44	10,24	7,06	6,32
<b>SR</b>				-	19,00	22,26	38,69	11,23	6,42	10,06	7,93	5,45
<b>DR</b>					-	18,51	77,41	20,65	10,09	11,74	13,92	8,09
<b>RB</b>						-	<b>33,79</b>	18,78	8,79	9,22	7,96	9,67
<b>BR</b>							-	<b>46,58</b>	7,96	13,66	9,82	10,79
<b>TD</b>								-	8,27	9,81	8,22	8,11
<b>HR</b>									-	14,53	9,57	18,75
<b>SD</b>										-	14,18	11,71
<b>TG</b>											-	6,99
<b>DM</b>												-

**BB:** Barbarine, **OJ :** Ouled Djellal, **IL:** Ifilène, **SR:** Srandi, **DR :** Dâraa, **RB:** Rembi, **BR:** Berbère, **TD:** Taâdmit, **HR:** Hamra, **SD :** Sidaoun, **TG:** Tazegzawt, **DM :** D'men

### 3.4.2 Distances génétiques et établissement des relations phylogéniques

#### a. Distances génétiques et corrélation

Les fréquences alléliques, obtenues pour les 15 microsatellites, nous ont permis de calculer deux types de distances : la distance standard de Nei (1972) avec le logiciel **Popgene** (Yeh et al., 1997) et celle de Reynolds (1983) avec le logiciel **Phylip** (Felsenstein, 1993). Ces deux distances sont fondées sur des théories évolutives différentes : un modèle mutation-dérive pour la distance standard de Nei et la dérive génétique seule pour la distance de Reynolds. Les résultats des deux distances sont représentés dans le tableau 19. Cette matrice de distances nous a permis ensuite de construire des arbres phylogénétiques.

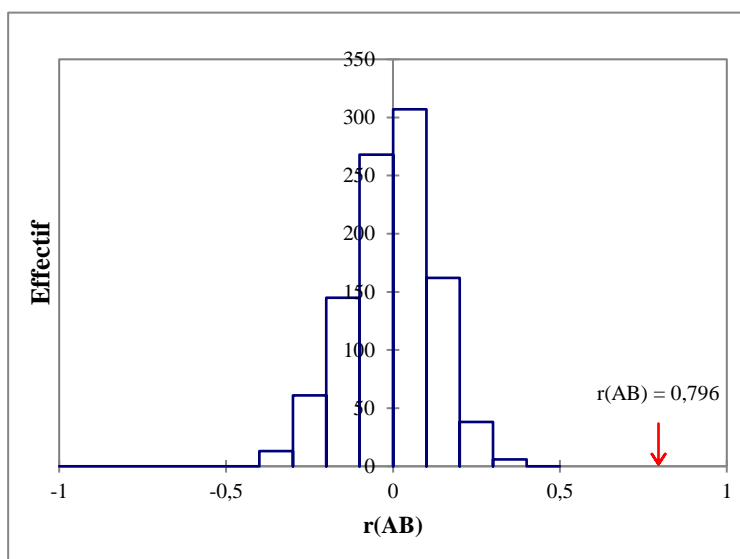
Le calcul de la distance génétique de Nei ou celle de Reynolds montre que la valeur la plus faible est trouvée entre la race Berbère et la race Rembi(**Tableau17**), tandis que la race D'men montre une grande distance génétique avec la race Ifilène par l'utilisation de la distance Reynolds (0,075) et avec la race Srandi par l'utilisation de la distance de Nei (0,528).

**Tableau 17.** Distances génétiques entre les 12 populations ovines étudiées : distance de Reynold au-dessus de la diagonale et la distance standard de Nei ci-dessous en diagonale.

Races	BB	OJ	IL	SR	DR	RB	BR	TD	HR	SD	TG	DM
<b>BB</b>	-	0,039	0,056	0,060	0,059	0,037	0,042	0,053	0,052	0,052	0,059	0,057
<b>OJ</b>	0,311	-	0,052	0,036	0,048	0,026	0,028	0,037	0,034	0,033	0,044	0,040
<b>IL</b>	0,287	0,287	-	0,050	0,046	0,049	0,048	0,053	0,070	0,056	0,066	<b>0,075</b>
<b>SR</b>	0,361	0,164	0,187	-	0,041	0,039	0,038	0,050	0,066	0,053	0,059	0,078
<b>DR</b>	0,320	0,245	0,136	0,120	-	0,048	0,043	0,048	0,060	0,057	0,054	0,072
<b>RB</b>	0,253	0,191	0,250	0,185	0,240	-	<b>0,025</b>	0,028	0,043	0,041	0,046	0,046
<b>BR</b>	0,261	0,158	0,214	0,168	0,170	0,134	-	0,025	0,050	0,038	0,045	0,048
<b>TD</b>	0,389	0,265	0,257	0,261	0,216	0,166	<b>0,118</b>	-	0,046	0,042	0,047	0,052
<b>HR</b>	0,424	0,270	0,452	0,456	0,352	0,335	0,359	0,333	-	0,034	0,043	0,036
<b>SD</b>	0,411	0,242	0,305	0,321	0,306	0,320	0,249	0,274	0,221	-	0,035	0,044
<b>TG</b>	0,436	0,316	0,359	0,333	0,250	0,321	0,265	0,293	0,290	0,182	-	0,057
<b>DM</b>	0,418	0,291	0,457	<b>0,528</b>	0,420	0,317	0,292	0,340	0,211	0,284	0,351	-

**BB:** Barbarine, **OJ:** Ouled Djellal, **IL:** Ifilène, **SR:** Srandi, **DR:** Dâraa, **RB:** Rembi, **BR:** Berbère, **TD:** Taâdmit, **HR:** Hamra, **SD:** Sidaoun, **TG:** Tazegzawt, **DM:** D'men

Le résultat obtenu après une mesure de corrélation entre matrices de distances génétiques montre qu'il existe une corrélation positive entre les deux distances génétiques utilisées (distance standard de Nei et celle de Reynolds) basées sur deux hypothèses évolutives différentes. Le test de Mantel a été réalisé à l'aide du logiciel **Xlstat 5.03** (**Figure 35**). Le test de permutation a donc été proposé pour permettre de déterminer si le coefficient de corrélation peut être considéré comme significativement différent de zéro. L'hypothèse nulle ( $H_0$ ) signifie que les matrices ne sont pas corrélées par contre l'hypothèse alternative ( $H_a$ ) signifie que les matrices sont corrélées.

**Figure 36.** Histogramme du test de Mantel

Étant donné que la p-value calculée (0,0001) est inférieure au niveau de signification  $\alpha=0,05$ , on doit rejeter l'hypothèse nulle **H<sub>0</sub>**, et retenir l'hypothèse alternative **H<sub>a</sub>**. Autrement dit nous admettons qu'il existe un lien entre la distance standard de Nei et celle de Reynolds dans notre étude avec un coefficient de Pearson  $\text{der}(\mathbf{AB})=0,7955 = 79,55\%$

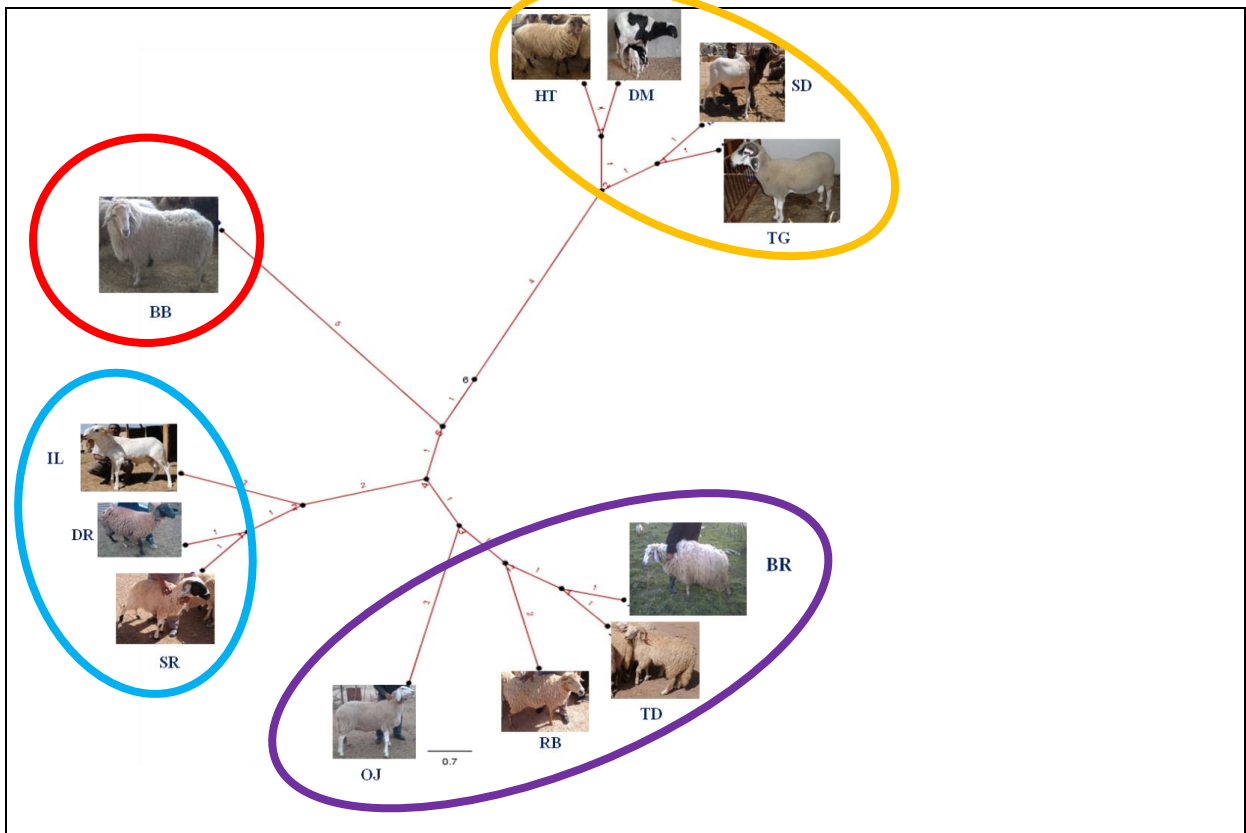
#### **b. Arbres phylogénétiques (dendrogramme).**

Deux arbres phylogénétiques ont été construits à partir des résultats obtenus pour les deux types de distances : distance génétique du Nei (1972) (**Figure 36**) et Distance génétique de Reynolds (1983) (**Figure 37**), en utilisant respectivement la méthode de classification automatique «UPGMA» et «Neighbors-Joining» par les logiciels **MEGA 6** (Tamura et al., 2013) et **Dendroscope** (Huson et Scornavacca, 2012). Les valeurs de bootsrap indiquées à chaque nœud révèlent le pourcentage d'apparition de ce dernier parmi 1000 rééchantillonnages.

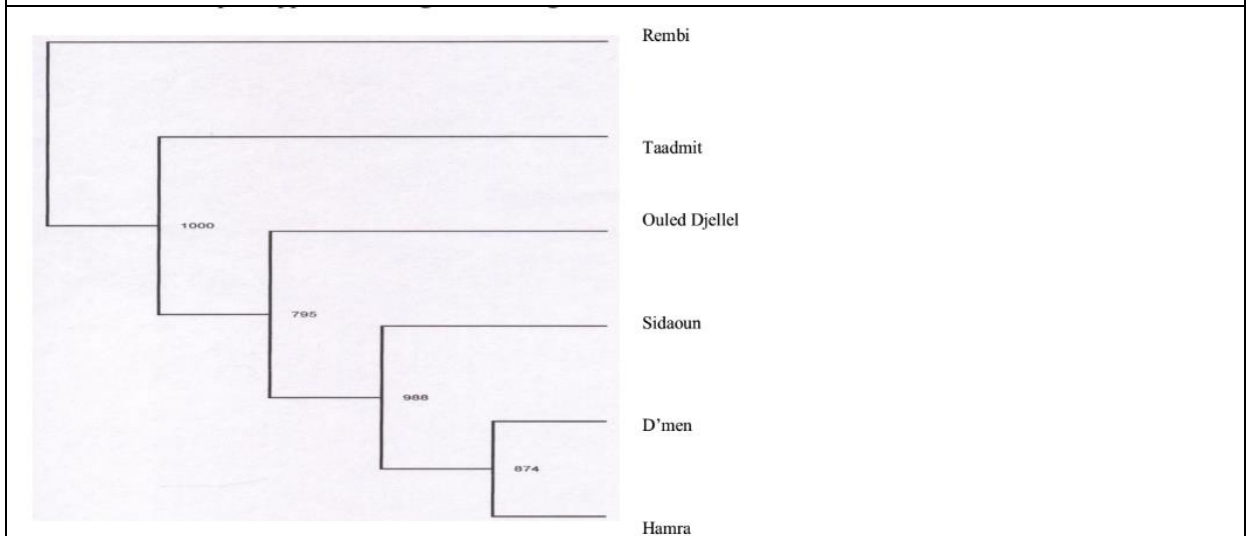
En comparant les deux dendrogrammes construits par la méthode UPGMA ou Neighbors-Joining, nous avons constaté que le résultat des deux arbres subdivise la population ovine locale en quatre groupes distincts :

- **Groupe 1** : la race Sidaoun est regroupée avec la race Tazegzawt et la race Hamra avec la race D'men, en effet, ce regroupement de deux races Hamra et D'men est dû au fait que cette dernière est connue pour être le résultat d'un croisement de la race Sidaoun avec une race à laine du Nord qui pourrait être la race Hamra (Gaouar, 2009). Cependant, le résultat est plus ou moins compatible avec les données géographiques et historiques des races, en ce qui concerne la race Tazegzawt qui est regroupée avec une race Sidaoun qu'est une race saharienne plutôt qu'avec les races telliennes. Selon le travail de Djaout et al. (2017), la race Tazegzawt sera originaire du Sahara et donc son rapprochement avec la race Sidaoun serait plus logique.
- **Groupe 2** : Plusieurs races sont regroupées, la race Ouled Djellal suivit respectivement par les races (Rembi, Berbère et Taâdmit), ces résultats sont en concordance avec ceux cités par Gaouar (2009). En fait, les animaux de races Rembi et Taâdmit sont connus être le résultat d'un croisement avec la race Ouled-Djellal.
- **Groupe 3** : C'est un groupe très isolé, composé par les races Ifilène, Srandi et Dâraa, ces nouvelles races, sont caractérisées par une faible taille d'effectif et elles sont inconnues sur le plan des performances zootechniques. En fait, ces races elles sont soit issues par un croisement avec la race Ouled Djellal, cas de la race Dâraa (Djaout et al., 2017), ou, elles sont des races transfrontalières, c'est le cas des races Srandi et Ifilène.

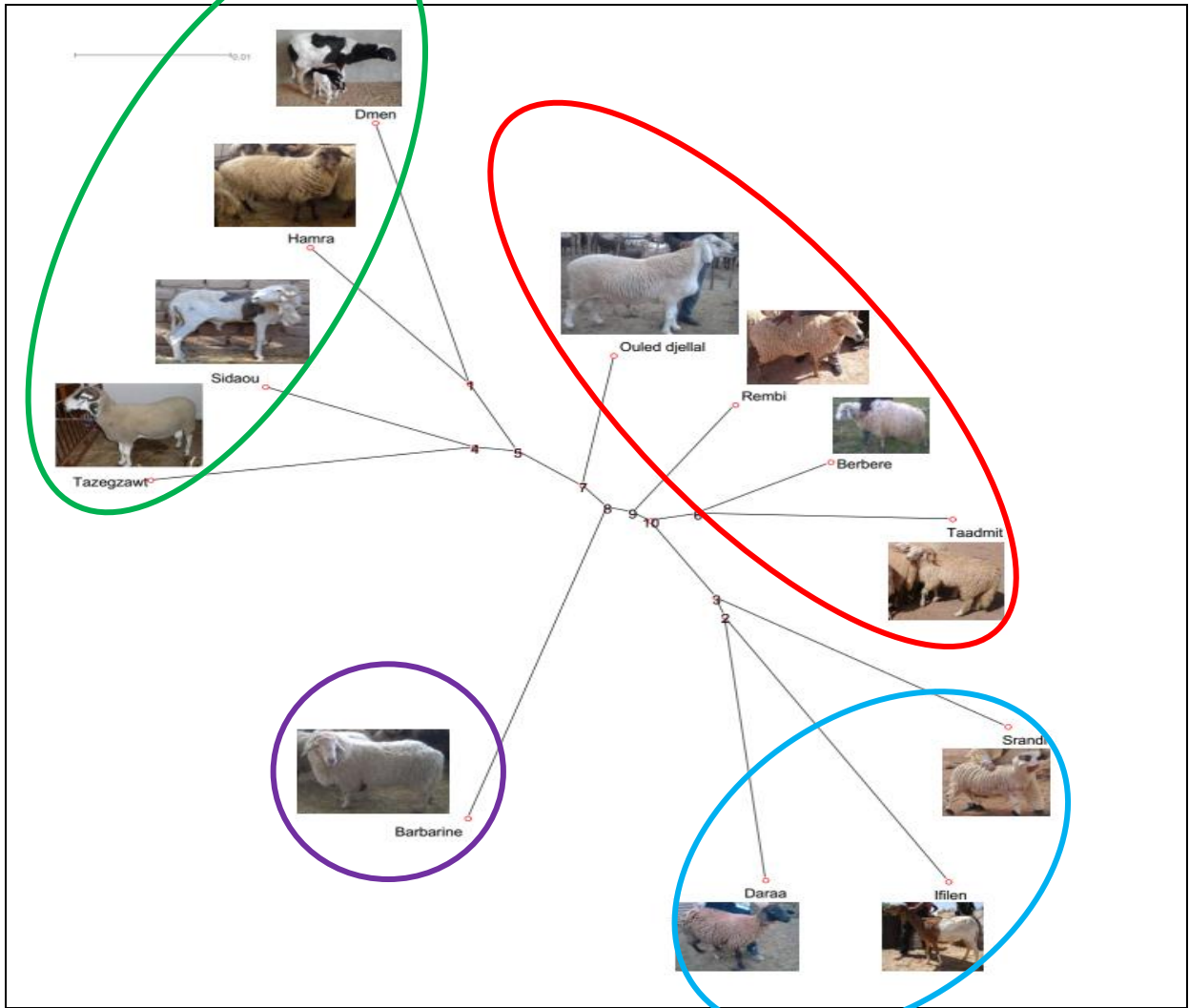
- **Groupe 4** : Une seule race a été classée dans ce groupe qu'est la race Barbarine. Cette identification peut être expliquée par la position géographique très isolée par rapport aux autres races, ainsi la race Barbarine est une race à demi-queue grasse.



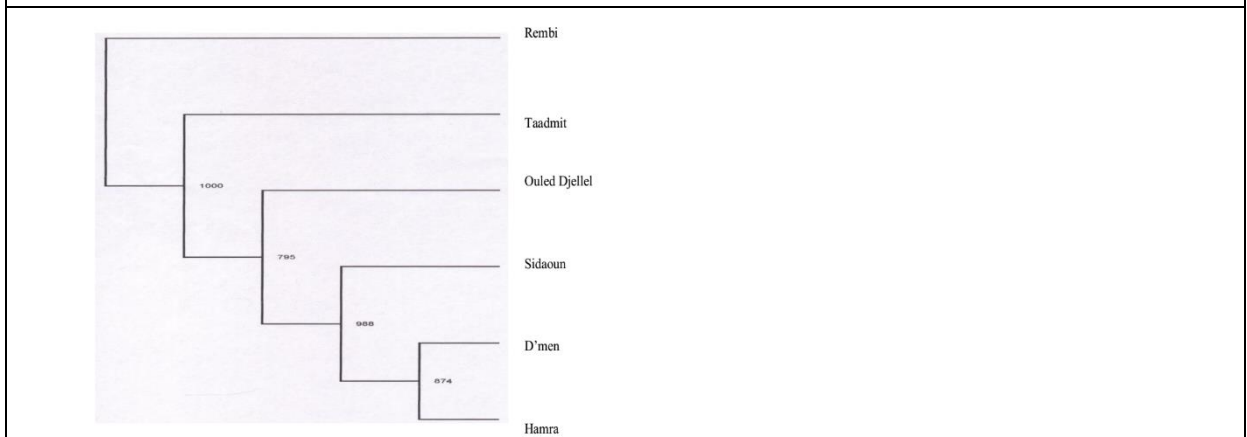
**Figure 37.** Dendrogramme basé sur les distances génétiques minimales de Nei entre 12 races (méthodologie de ré échantillonnage bootstrap (1000 répétitions)), par l'approche « UPGMA » **BB**: Barbarine, **JO** : Ouled Djellal, **IL** : Ifilène, **SR** : Srandi, **DR** : Dâraa, **RB** : Rembi, **BR** : Berbère, **TD** : Taâdmit, **HR**: Hamra, **SD** : Sidaoun, **TG** : Tazegzawt, **DM** : D'men



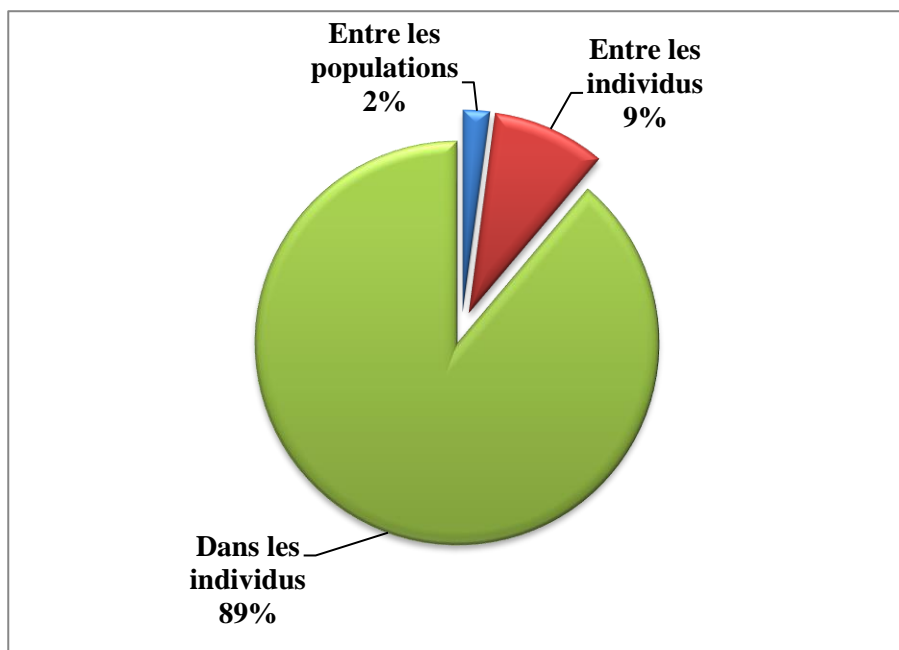
**Figure 38:** Arbre phylogénétique obtenu à partir de la distance génétique standard de Nei par l'approche « UPGMA » Gaouar, 2009



**Figure 39.** Dendrogramme basé sur les distances Reynolds entre 12 races (methodologie de ré échantillonnage bootstrap (1000 répétitions)), par l’approche « Neighbor-Joining »



**Figure 40:** Arbre phylogénétique obtenu à partir de la distance génétique de Reynolds par l'approche « Neighbor-Joining » (Gaouar , 2009)



**Figure 41.** Pourcentages de la variabilité moléculaire chez la population ovine algérienne

La hiérarchisation de la diversité globale de l'ensemble des populations ovines de la présente étude a été réalisée par l'AMOVA avec le logiciel **GenALEx 6.5** (Peakall et Smouse 2006, 2012) **Figure 38**. Le résultat a montré que le pourcentage de variation entre les populations obtenues est de 2 % et entre les individus au sein de ces groupes il est de 9 %, par contre la grande variation est enregistrée au sein des individus, elle est de 89 %. Ce résultat signifie que la diversité globale est due principalement à la diversité entre les individus au sein des populations.

### 3.4.3 Résultat d'analyse factorielle des correspondances (AFC)

Les relations génétiques entre les 12 populations étudiées à partir d'analyses factorielles des correspondances (AFC) sont présentées en **figure 39**. Dans notre étude, deux AFC sont réalisés afin de mieux exploiter les données :

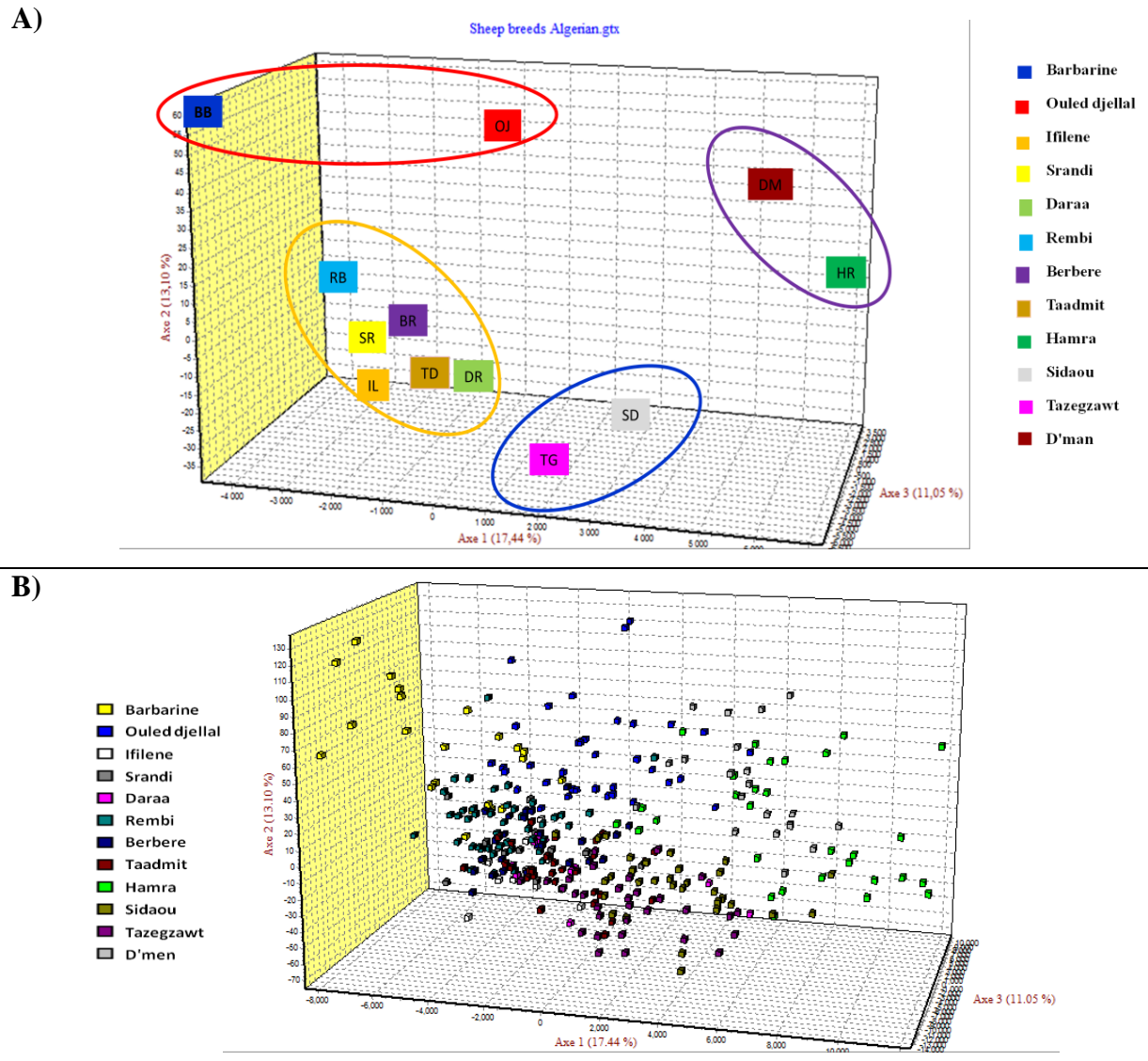
- **Premier AFC** : il a été réalisé en prenant comme élément de base l'ensemble des 12 races étudiées **Figure (39.A)**
- **Deuxième AFC** : il a été réalisé en prenant comme élément de base les 296 individus étudiés **Figure (39.B)** :



Le résultat de l'AFC est présenté au niveau de la **figure 39**. Au total, 41,66 % de la variabilité peut être expliquée par les trois premiers axes avec respectivement : 17,44 % (premier axe), 13,10 % (deuxième axe 2) et 11,05 % (troisième axe) de la variabilité totale.

La première analyse des résultats obtenus après un AFC sur les deux niveaux, nous a permis de séparer la population ovine en quatre groupes distincts (**figure 39.A**), mais uniquement dans le cas de l'AFC réalisé sur les 12 races étudiées. Cependant, il est difficile de distinguer entre les races dans le cas de la distribution individuelle d'AFC (**Figure 39.B**), ce niveau de mélange reflète probablement la situation du terrain où aucune notion de race n'est respectée par les éleveurs (croisement incontrôlé, non-respect des berceaux,). (**Figure 39.B**).

En général, les résultats obtenus par l'analyse factorielle des correspondances (AFC) sont similaires à ceux donnés par le dendrogramme, dont lequel les races sont divisées en quatre groupes: *Le premier groupe* est constitué de 7 races : Rembi, Srandi, Berbère, Ifilène, Taâdmit et Dâraa, ce regroupement témoigne de la relation génétique très étroite entre ces races. *Le deuxième groupe* est constitué quant à lui par les races Tazegzawt et Sidaoun, suivie par deux races Hamra et D'Men qui forme *le troisième groupe*. *Le quatrième* groupe en haut du schéma est constitué par la race Ouled Djellal et la race Barbarine.



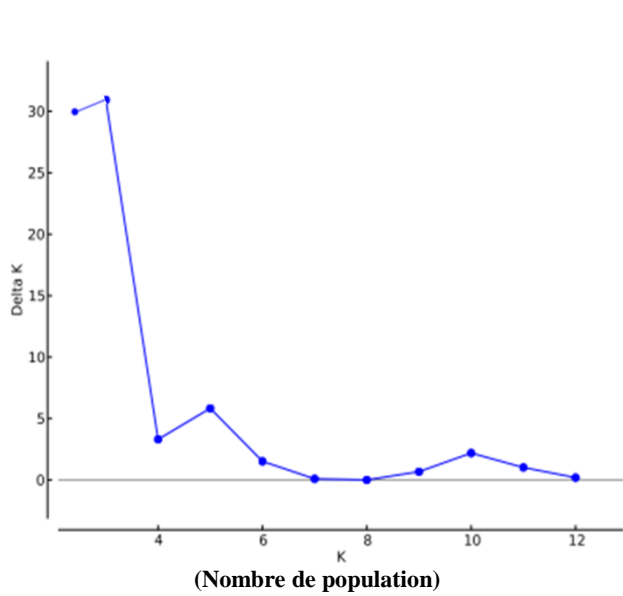
**Figure 42.** Représentation par AFC dans l’espace de 3 -dimensions des échantillons des 12 races ovines étudiées. A) Sur l’ensemble de 12 races. B) Sur l’ensemble de 296 individus.

### 3.4.4 Assignment des individus à des populations génétiques et clustering

#### a. Assignment des individus par le logiciel Structure

La structure génétique des 12 races ovines a été étudiée en utilisant le logiciel **Structure**, dont l’analyse a été effectuée avec une combustion de 20 000 de longueur, suivie d’un test de chaîne de Markov avec 100 000 itérations de Monte-Carlo pour chacun des K allant de 2-12, avec 20 répliques pour chaque K, et ce en utilisant des fréquences d’allèles indépendants et un modèle de mélange. Ce logiciel structure nous a permis d’identifier le degré de mélange entre nos populations ovines, de sorte qu’il nous donne une idée claire sur la situation génétique de notre cheptel.

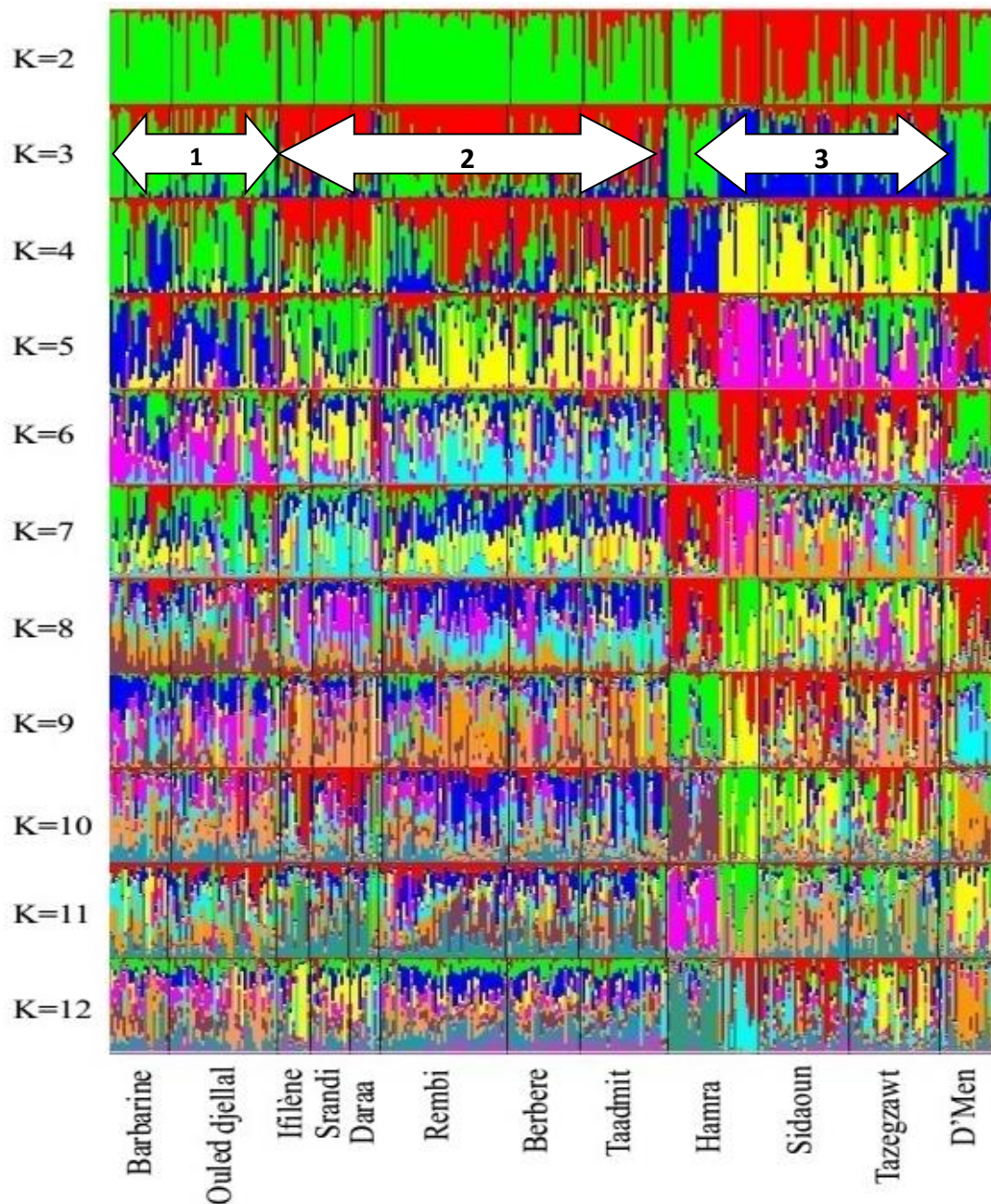
La **figure 40** montre les variations de la valeur de  $\Delta(K)$  selon les valeurs de  $K$  (nombre des populations étudiées) avec la méthode d’Evano en utilisant le logiciel Structure Harvester (Earl et vonHoldt, 2012). Nous remarquons que les valeurs de  $\Delta(K)$  augmentent de  $K = 2$  à  $K = 3$  pour atteindre une valeur maximale ( $\Delta K = 30\ 929$ ) puis elles diminuent rapidement à  $K=4$  avec une valeur de  $\Delta(K) = 3\ 309$  (**Tableau 18**). Après cela, nous observons une fluctuation dans les valeurs de  $\Delta(K)$  avec un enregistrement de deux pics, le premier avec la valeur de  $K=5$  et le deuxième avec la valeur de  $K=10$ , mais ces deux pics restent très faibles à ce qui a enregistré au niveau de la valeur  $K=3$  donc, cette valeur de  $\Delta K$  est considérée comme la meilleure valeur de  $K$ , ce qui signifie que notre population locale ovine avec 12 races est regroupée en **trois clusters** (**Figure 40**).



**Figure 43.** Détermination de la valeur de  $K$  la plus vraisemblable selon la méthode Evanno et al. (2005). La variation de second ordre du log-likelihood  $K$  ( $\Delta K$ )

<b>K</b>	<b>Ln Pr (X K)</b>	<b><math>\Delta K</math></b>
2	-22 840,215	29 810
<b>3</b>	<b>-22 641,230</b>	<b>30 929</b>
4	-22 718,215	3 309
5	-22 529,305	5 837
6	-22 562,610	1,524
7	-22 759,805	0,097
8	-22 971,685	0,007
9	-23 185,810	0,681
10	-22 941,185	2 195
11	-23 501,895	1,022
12	-23 384,780	0,197

**Tableau 18.** Estimation postérieure de la probabilité [Ln Pr (X|K)] pour différents nombres de groupes inférés ( $K$ ) et  $\Delta K$  statistique.



**Figure 44.** Estimation de la structure de la population avec des valeurs K différentes (K = 2 à 12).

La **figure 41** montre qu'à partir de la valeur de K=2, un premier cluster s'identifie avec une première séparation des deux races Tazegzawt et Sidaoun avec quelques animaux appartenant à la race Hamra et à la race D'men. Ensuite, une deuxième séparation, elle a eu lieu à K=3. Ce deuxième cluster est le résultat d'un isolement de la race Barbarine et la race Ouled Djellal avec le reste des individus de la race Hamra. Les six autres races forment ensemble le troisième cluster, il s'agit des races à appellation nouvelles (Ifilène, Srandi et Dâraa) et les races Rembi, Taâdmit et berbère. À partir de K = 4, aucun cluster ne s'identifie, toutes les 12 races montrent un mélange entre elles jusqu'à la dernière valeur de K=12 sauf que deux

faibles pics ont été détectés à  $k=5$  et  $k=10$ , montrant que, dans une moindre mesure, l'analyse bayésienne a pu distinguer respectivement les 5 et 10 races nominales.

Ces résultats obtenus ne sont pas en concordance avec ceux qui ont été trouvés par Gaouar et al. (2015 b) et (2016 b), dont lesquels la population ovine algérienne était regroupée en 2 clusters, et ce en utilisant 30 microsatellites et le polymorphisme à un seul nucléotide (SNP) à l'échelle du génome avec respectivement six et huit races étudiées. Toutefois, les deux premiers des 3 clusters distingués au niveau de notre étude sont représentés par les mêmes races que celles citées dans les travaux de Gaouar (2015 b et 2016 b). Par contre, le troisième et le dernier cluster regroupe les nouvelles races (Ifilène, Srandi et Dâraa).

À l'échelle individuelle, l'analyse bayésienne montre qu'il existe peu de races qui sont homogènes, ces races sont constituées par des animaux relativement semblables entre eux, il s'agit des races Barbarine, Rembi et Srandi, cependant le reste des neuf races montrent des niveaux variables de mélange. En fait, cette situation reflète exactement ce qui s'est passé au cours de ces dernières années. D'après les travaux de Gaouar (2009) et le récent travail phénotypique et morphologique sur les races ovines de Djaout et al. (2017), le cheptel ovin en Algérie connaît progressivement une dégradation inquiétante sur le plan de diversité génétique. Cela est soutenu par notre présente étude qui montre bien que la majeure partie de la variabilité au niveau de notre population ovine locale réside au niveau individuel et n'ont pas au niveau racial (voir l'analyse AMOVA).

#### **b. Méthodes d'affectation des individus à une population**

L'affectation des animaux aux 12 populations étudiées a été réalisée en utilisant les résultats du génotypage pour les 15 microsatellites utilisés (**Annexe 6**). Les résultats de cette affectation ont été obtenus à l'aide du logiciel **GeneClass2** (Piry et al., 2004). Nous avons remarqué que les animaux ont été affectés à 100 % à leur race d'origine à cause du nombre important de marqueurs utilisés. Les résultats sont présentés par race :

##### **Barbarine :**

- 14 animaux sur 21 sont affectés à leur race avec un pourcentage qui est de 100 %
- Les animaux 08FT, 09FT, 13FT, 11FT, 12FT, BARIM1001, BARIM1327 restant sont affectés à leur race avec un pourcentage qui dépasse les 99,92 %, ces animaux sont aussi

affectés aux races Rembi, Tazegzawt, Sidaoun et Ifilène, mais avec de très faibles pourcentages qui n'excède pas les 0,05 %.

**Ouled Djellal :**

- 18 animaux sur les 36 analysés sont affectés à leur race avec un pourcentage qui est de 100 % ;
- Les animaux restants sont affectés à leur race avec un pourcentage qui dépasse les 98,53 %, ces animaux sont aussi affectés aux races Rembi, Hamra, Barbarine, Sidaoun, Berbère, Srandi D'men, Taâdmit, Tazegzawt et Dâraa, mais avec un très faible pourcentage qui n'excède pas les 0,8 %.

**Ifilène :**

- 6 animaux sur les 11 analysés sont affectés à leur race avec un pourcentage qui est de 100 % ;
- Les animaux restants sont affectés à leur race avec un pourcentage qui dépasse les 99,98 %, ces animaux sont aussi affectés aux races Ouled Djellal Srandi Tazegzawt Rembi et Berbère, mais avec un très faible pourcentage qui ne dépasse pas les 0,01 %.

**Srandi :**

- 9 animaux sur les 13 analysés sont affectés à leur race avec un pourcentage qui est de 100 % ;
- Les animaux restants sont affectés à leur race avec un pourcentage qui dépasse les 99,98 %, ces animaux sont aussi affectés aux races Rembi Ifilène, Dâraa et Ouled Djellal, mais avec un très faible pourcentage qui n'excède pas les 0,01 %.

**Dâraa :**

- 7 animaux sur les 10 analysés sont affectés à leur race avec un pourcentage qui est de 100 % ;
- Les animaux restants sont affectés à leur race avec un pourcentage qui dépasse les 99,99 %, ces animaux sont aussi affectés aux races Rembi Srandi et Hamra, mais avec un très faible pourcentage qui ne dépasse pas le 0,001 %.

**Rembi :**

- 24 animaux sur les 41 analysés sont affectés à leur race avec un pourcentage qui dépasse les 98,54 %. Ces animaux sont aussi affectés aux races Ouled Djellal, Berbère, Barbarine, Dâraa, Srandi, Taâdmit, Tazegzawt, Ifilène et Sidaoun, mais avec un très faible pourcentage qui n'excède pas les 1,58 % ;
- Les 3 animaux (**RHFSN3**, **R:05** et **R:03**) sont affectés plutôt aux races Hamra, Taâdmit et Berbère avec un pourcentage qui dépasse les 61,96 % et à la race Rembi avec un pourcentage de 37,93 %.

**Berbère :**

- 15 animaux sur les 24 analysés sont affectés à leur race avec un pourcentage qui dépasse les 97,91 %. Ces animaux sont aussi affectés aux 12 races étudiées, mais avec un très faible pourcentage qui n'excède pas les 0,94 % ;
- Le seul animal (**28 FB**) est affecté à la race Srandi avec un pourcentage de 91,12 % et à la race Berbère avec un pourcentage de 8,87 %

**Taâdmit :**

- 15 animaux sur les 30 analysés sont affectés à leur race avec un pourcentage qui dépasse les 93,71 %. Ces animaux sont aussi affectés aux 12 races étudiées, mais avec un très faible pourcentage qui n'excède pas les 3,13 % ;
- Le seul animal (**T26**) est affecté à la race Berbère avec un pourcentage de 62,63 % et aux races Taâdmit et Rembi avec un pourcentage de 37,36 %

**Hamra :**

- 100 % des animaux sont affectés correctement à leur race ;
- 16 animaux sur les 30 analysés sont affectés à leur race avec un pourcentage qui est de 100 % ;
- Les 14 animaux restants sont affectés à leur race avec un pourcentage qui dépasse les 99,19 %, ces animaux sont aussi affectés aux races Ouled Djellal, Sidaoun, Barbarine, D'men, Tazegzawt, Rembi, Berbère et Dâraa, mais avec un très faible pourcentage qui n'excède pas les 0,39 %.

**Sidaoun :**

- 100 % des animaux sont affectés correctement à leur race ;

- 11 animaux sur les 30 analysés sont affectés à leur race avec un pourcentage qui est de 100 % ;
- Les 19 animaux restants sont affectés à leur race avec un pourcentage qui dépasse les 96,53 %, ces animaux sont aussi affectés aux races Tazegzawt, D'men, Hamra, Ouled Djellal, Taâdmit, Barbarine, Berbère, Rembi, mais avec un très faible pourcentage qui n'excède pas les 2,72 %.

**Tazegzawt :**

- 13 animaux sur les 30 analysés sont affectés à leur race avec un pourcentage qui dépasse les 97,12 %. Ces animaux sont aussi affectés aux races Taâdmit, Srandi, Berbère, Hamra, Rembi, Sidaoun, Ouled Djellal et D'men, mais avec un très faible pourcentage qui n'excède pas les 1,49 % ;
- Le seul animal (**TZSF10**) est affecté à la race Sidaoun avec un pourcentage de 88,76 % et aux races Tazegzawt et Hamra avec un pourcentage de 11,22 %.

**D'men :**

- 100 % des animaux sont affectés correctement à leur race ;
- 06 animaux sur les 19 analysés sont affectés à leur race avec un pourcentage qui est de 100 % ;
- Les animaux restants sont affectés à leur race avec un pourcentage qui dépasse les 98,24 %, ces animaux sont aussi affectés aux races Hamra, Tazegzawt, D'men et Ouled Djellal, mais avec un très faible pourcentage qui n'excède pas les 1,50 %.

Dans cette présente étude, nous constatons qu'il y a 3 groupes selon le pourcentage d'affectation des races. Le premier groupe est formé par des races à faible pourcentage d'affectation des animaux à 100 %, il s'agit des races Berbère, Rembi, Taâdmit et Ouled Djellal avec un pourcentage de 33,33 %, 35,71 %, 43,33 % et 50,00 % respectivement. Le deuxième groupe est constitué par des races avec un pourcentage moyen d'affectation à 100 %, constitué des races Hamra (53,33 %), Tazegzawt (56,67 %), Sidaoun (63,33 %) et la race Ifilène avec 63,64 %. Enfin, le troisième groupe est représenté par les races avec le plus grand pourcentage d'animaux affectés à 100 %, ces races sont la race Barbarine, la race D'men, la race Srandi et la race Dâraa avec un pourcentage respectivement de 66,67 %, 68,42 %, 69,23 % et 70,00 % d'animaux affectés sans ambiguïté



## **CONCLUSION GÉNÉRALE**

Connue par l'immensité de son territoire et la diversité de ses milieux naturels, l'Algérie recèle des ressources dont l'importance tant qualitative que quantitative est à même de lui assurer un développement durable de ses ressources animales. Néanmoins, ces ressources ne sont guère exploitées de façon appropriée. Les espèces animales et végétales avec toutes les races et les variétés et populations qui les caractérisent, non seulement sont peu connues, mais sont en voie d'extinction, voire de disparition pour certaines avec toutes conséquences négatives que cela induit sur le plan écologique et économique.

Les espèces animales constituent des ressources vitales pour le pays et un patrimoine génétique universel. Malgré leur importance primordiale pour la sécurité alimentaire et pour le développement économique local ces ressources sont sujettes actuellement au processus d'érosion génétique qui va en s'accroissant.

C'est dans ce contexte et dans une optique de recherche de mesures appropriées pour la préservation de ces ressources que ce travail de thèse a été focalisé sur la caractérisation génétique de 12 races ovines locales (Barbarine, Ouled Djellal, Rembi, Berbère, Taâdmit, Hamra, Sidaoun, Tazegzawt, D'men, Ifilène, Srandi et Dâraa). La première action a été entamée sur l'étude des relations phylogénétiques de ces races. Ainsi le polymorphisme génétique de ces races a été étudié par 15 marqueurs moléculaires de type microsatellite « OarFCB193, OarFCB304, INRA0023, OarCP34, INRA0132, D5S2, BM1818, BM8125, McM0527, CSR0247, OarFCB128, BM1329, HSC, OarJMP29 et MAF214 », en analysant 296 échantillons d'ADN provenant de 11 à 41 animaux non apparentés par race.

Cette thèse a permis de réaliser l'analyse de l'ensemble des résultats obtenus pour les 15 microsatellites en utilisant des logiciels spécifiques pour l'étude statistique de plusieurs indicateurs de la variabilité génétique.

De manière globale les résultats de cette caractérisation moléculaire ont montré que la population ovine locale algérienne possède une grande variabilité génétique au niveau intra-populationnelle par rapport à celles de la variabilité génétique inter-populationnelle. Cette diversité génétique observée est exposée à plusieurs problèmes tels que la restriction des berceaux et l'envahissement des races élites tel que la race Ouled Djellal au Nord et la race Sidaoun au Sud.

L'identification de nouvelles races ovines est utile pour le patrimoine génétique existant localement qui nécessite en toute urgence un programme de caractérisation génétique et zootechnique qui doit être mis en œuvre pour ces races dans une perspective d'intégration dans des schémas d'amélioration génétique.

L'ensemble des 296 animaux étudiés ont présenté un total de 367 allèles différents avec 15 microsatellites utilisés. Les résultats obtenus révèlent la présence de 41 allèles spécifiques pour l'ensemble des races étudiées. Par ailleurs, le taux d'hétérozygote non biaisé moyen obtenu pour l'ensemble de ces races est de l'ordre de  $0,883 \pm 0,003$ .

La comparaison des races a permis de constater que la race Ouled Djellal présente la variabilité génétique intra-race la plus importante avec 267 allèles et un taux d'hétérozygotie attendu non biaisé élevé égal à  $0,914 \pm 0,005$ . Par contre, la race Dâraa présente la variabilité génétique intra-race la plus faible avec 131 allèles et un taux d'hétérozygotie attendue non biaisée le plus faible ( $0,870 \pm 0,013$ ). Ceci est probablement dû à la taille réduite de l'échantillon analysé et au fait que cette race est connue pour son isolement et son faible effectif.

Dans cette étude, il est permis d'abord de constater une richesse allélique de l'ordre de 8,78 pour l'ensemble des 12 populations étudiées ; ce qui est relativement important dans les études de la caractérisation des races ovines, ensuite de vérifier si les 12 races ovines considérées étaient en équilibre de Hardy-Weinberg et enfin de déduire que les races Srandi et Ifilène sont les seules qui ne présentent ni excès ni déficit en hétérozygoties en prenant en considération l'ensemble des 15 microsatellites. Quant aux autres 10 races ovines étudiées (Barbarine, Ouled Djellal, Dâraa, Rembi, Berbère, Taâdmit, Hamra, Sidaoun, Tazegzawt et D'men), elles sont en déséquilibre à cause du déficit en hétérozygoties.

Les hypothèses susceptibles d'expliquer ces déséquilibres concernent des facteurs génétiques (consanguinité, déséquilibre d'association et effet père) ; l'existence d'allèles nuls et l'effet Wahlund (présence de sous populations à l'intérieur de la race). Au total, 45 cas de déséquilibre d'association ont été détectés chez les 12 races étudiées. La race Hamra présente le plus grand nombre de cas ( $n= 14$ ) de déséquilibre d'association parmi lesquels l'ensemble des loci sont en déséquilibre d'association de Hardy-Weinberg.

Par ailleurs, la connaissance de la variabilité inter-race a nécessité une analyse de la structuration au sein de ces races, les résultats obtenus montrent que la diversité totale pour

l'ensemble de 12 races est due majoritairement à une diversité intra-populationnelle (98 %). Cette dernière révèle l'existence d'une homogénéisation génétique des races qui résulterait principalement de l'envahissement de la race Ouled Djellal des aires de répartition des autres races. Le taux de diversité inter-populationnelle a été estimé à 2 %.

La mise en évidence des relations phylogénétiques entre les 12 races ovines Algériennes a mobilisé plusieurs approches : a) les distances génétiques (la distance standard de Nei et celle de Reynolds) ; b) l'analyse factorielle de correspondances ; c) la méthode de clustering.

Les résultats obtenus suggèrent que l'ensemble de la population ovine locale étudiée est divisée en 4 groupes alors que l'analyse bayésienne n'a généré que 3 groupes avec une meilleure valeur de  $k=3$ . Il en résulte que la structuration de ces races a permis de faire ressortir les éléments suivants :

- Un net rapprochement entre 4 races (Ouled Djellal, Rembi, Taâdmit et berbère). En effet, sur le plan phénotypique, ces races partagent un grand nombre de traits. Cela serait dû à l'introduction non contrôlée dans les berceaux des 3 races par la race Ouled Djellal ;
- Une nette proximité a été observée entre deux binômes de races : a) les races Hamra et D'men ; b) les races Sidaoun et Tazegzawt. Quant aux nouvelles races (Ifilène, Srandi et Dâraa), elles révèlent une certaine relation entre elles ;
- La race Barbarine se distingue nettement des autres races. Cela semble résulter de l'isolement géographique de cette race et de sa caractéristique spécifique (race à demi-queue grasse).

Enfin, pour chacune de 12 races étudiées, l'analyse du pourcentage d'affectation a fait ressortir 3 groupes de races ovines locales : a) le premier groupe est marqué par des races à faible pourcentage d'affectation à 100 % (Races : Berbère, Rembi, Taâdmit et Ouled Djellal) ; b) le deuxième groupe de races (Hamra, Tazegzawt, Sidaoun et Ifilène) se caractérise par pourcentage moyen d'affectation à 100 % ; c) le troisième groupe est constitué des races (Barbarine, D'men, Srandi et Dâraa) avec un pourcentage très élevé d'affectation à 100 %.

Il en résulte un constat alarmant qui met en évidence une tendance au cours des dernières décennies à un déclin de la diversité génétique pour la majorité des races ovines locales. Cette dégradation de la variabilité est surtout accentuée par l'effet des croisements non contrôlés entre les animaux de différentes races pratiqués par les éleveurs où la race Ouled Djellal est la plus utilisée. La mise en place en toute urgence d'un plan national de gestion et de

conservation de ces ressources génétiques nécessite d'une part, une réaction rapide des autorités nationales par la création de fonds spéciaux pour la sauvegarde et la conservation des ressources génétiques ovines menacées et d'autre part, l'accompagnement de la communauté scientifique par des encouragements dans leurs travaux de recherche sur l'évaluation et la caractérisation des races ovines locales en étroite collaboration avec les éleveurs motivés par la création d'associations locales pour la préservation de la diversité génétique de chacune des races ovines locales.

Cette thèse suggère des perspectives visant à mettre en œuvre des stratégies pour conserver et améliorer les races ovines locales, quel que soit leur effectif en relation avec les professionnels d'élevage, et ce sur la base de travaux continus et coordonnés à la fois sur leur variabilité génétique ovine et leurs caractéristiques zootechniques. Tout en les évaluant et en les adaptant aux différents environnements et conditions d'élevage.

Par ailleurs, la présente étude a permis notamment de faire pour la première fois la caractérisation génétique de l'ensemble du cheptel ovin algérien en apportant un certain nombre de résultats sur la dynamique du génome ovin local et les relations phylogénétiques entre les 12 races étudiées.

Cette thèse suggère un certain nombre de recommandations qui pourraient contribuer à moyen et long terme à la mise en place de schémas de sauvegarde de la variabilité génétique des races ovines locales. Ces recommandations portent sur :

- ✓ Sensibilisation des Autorités locales pour promulguer des lois de conservation et de gestion des ressources génétiques à la fois végétales et animales en définissant les priorités en matière de conservation de ces ressources
- ✓ En synergie des compétences pour la protection des races contre leur utilisation abusive et incontrôlée.
- ✓ Amélioration des méthodes de gestion des animaux d'élevage (identification des animaux et établissement des généalogies)
- ✓ Installation d'un comité sectoriel des ressources génétiques pour assurer l'amélioration de la gestion des ressources génétiques, la mise en place de programmes de sélection et de croisement afin de minimiser les risques de consanguinité et d'hybridation incontrôlée et notamment pour les races à faible effectif. De tels programmes doivent aussi viser les aspects de reproduction et de production intra race. Ainsi, des stratégies pourraient être envisagées afin de sélectionner parmi ces races ovines locales, celles qui présentent une

meilleure aptitude à la traite dans le but de créer des noyaux pour les programmes de sélection génétique des races laitières ovines en Algérie. Il peut s'agir de :

- Constitution et renouvellement des troupeaux de races locales,
  - Création de centres de production et multiplication de géniteurs pour la diffusion du progrès génétique [amélioration de la productivité, élimination des animaux pas ou peu performant et mise à la reproduction d'animaux performants]
  - Constitution de banque de semences animales et d'embryons
  - Labellisation des viandes et particulièrement pour les races en extinction [race Hamra]
  - Production et valorisation des produits de terroir [production fromagère de type appellation d'origine contrôlée]
- ✓ Mise en place d'un réseau national recherche-développement-formation spécifique aux ressources génétiques animales en relation étroite avec les associations d'éleveurs et les experts dans ce domaine. Un tel réseau se chargerait du consulting dans les aspects suivants :
- Inventaire de la biodiversité.
  - Orientations en matière de conservation et d'amélioration génétique animale ;
  - Continuité et renforcement des travaux entrepris.
  - Suggérer toutes actions nouvelles jugées nécessaires.
  - Évaluer et valider les projets de recherche et développement relatifs aux ressources génétiques animales locales.

---

**RÉFÉRENCES  
BIBLIOGRAPHIQUES**

---

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Aberle KS, Hamann H, Drogemuller C, Distl O, 2007.** Phylogenetic relationships of German heavy draught horse breeds inferred from mitochondrial DNA D-loop variation, *J, Anim, Breed, Genet.*, 124, 94–100.
- Adebambo O, Williams JL, Sara B, Urquhart B, 2004.** Genetic relationships between Native Sheep breeds in Nigeria based on microsatellite DNA polymorphisms. *Animal genetic resources information* 34:27-40
- Agaviezor BO, Peters SO, Adefenwa MA, Yakubu A, Adebambo OA, Ozoje MO, Ikeobi CO, Wheto M, Ajayi OO, Amusan SA, Ekundayo OJ, Sanni TM, Okpeku M, Onasanya GO, De Donato M, Ilori BM, Kizilkaya K, Imumorin IG, 2012.** Morphological and microsatellite DNA diversity of Nigerian indigenous sheep. *J Anim Sci Biotechnol.* 24;3(1):38.
- Ajmone-Marsan P, Valentini A, Cassandro M, Vecchiotti-Antaldi G, Bertoni G, Kuiper MTR, 1997.** AFLP markers for DNA fingerprinting in cattle, *Animal Genetics*, 28, 418-426.
- Andru J, 2012.** Les populations invasives de rongeurs en milieu agricole : une étude menée dans des cultures de grande échelle, les plantations de palmiers à huile en Indonésie - Approche paysagère, génétique et écotoxicologique – Thèse de doctorat, Université de Lyon, France p180.
- Arranz JJ, Bayon Y, San Primitivo F, 2001.** Differentiation among Spanish sheep breeds using microsatellites. *Genet Select Evol.* 33:529–542
- Arslan A, Zima J, 2011.** Banded karyotype of the Konya wild sheep (*Ovis orientalis anatolica* Valenciennes, 1856) from Turkey, *Comparative Cytogenetics* 5(2): 81–89.
- Audiot A, 1995.** Races d'hier pour l'élevage de demain, INRA Editions, 230 p.
- Ayachi (1992)** communication personnelle.
- Barker JSF, 2009.** Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Guelph and Ontario, Canada, Vol, 21, A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds; pp, 501–508.
- Baumung R, Simianer H, Hoffmann I, 2004.** Genetic diversity studies in farm animals – a survey, *J, Anim, Breed, Genet*, 121, 361–373.
- Bautista Salas AM, 2009,** Caractérisation agro-morphologique et moléculaire d'une collection de landraces péruviennes de pigeonpea (*Cajanus cajan* L, Millsp.) pour l'analyse de sa diversité, PhD Thesis, FUNDP, p, 245.

- Beckman JS, Weber JL, 1992.** Survey of human and rat microsatellites, *Genomics*, 12,627-631.
- Beever JE, Smit MA, Meyers SN, Hadfield TS, Bottema C, Albretsen J, Cockett NE, 2006.** A single-base change in the tyrosine kinase II domain of ovine **FGFR3I** causes hereditary chondrodysplasia in sheep, *Anim Genet*;37:66–71.
- Beh KJ, Hulme DJ, Callaghan MJ, Leish Z, Lenane I, Windon RG, Maddox JF, 2002.** A genome scan for quantitative loci affecting resistance to *Trichostrongylus columbriformis* in sheep, *Anim Genet*; 33: 97–106.
- Belaïb I,2012.** Caractérisation morphologique des troupeaux ovins dans la région de Sétif (Algérie), thèse de Magister, université de Sétif, Algériens, p.234
- Belkhir K, Borsa P, Goudet J, Chikhi L, Bonhomme F, 2001.** GENETIX : logiciel sous Windows<sup>TM</sup> pour la génétique des populations, Laboratoire Genome et Populations, CNRS UPR 9060, Université Montpellier II, France.
- Ben Sassi-Zaidy Y, Maretto F, Charfi-Cheikrouha F, Cassandro M, 2014.** Genetic diversity, structure, and breed relationships in Tunisian sheep. *Small Rumin Res.* 119:52–56
- Benyoucef MT, Madani T, Abbas K, 2000.** Sheep production systems and selection objectives under semi-arid conditions in Algeria, *CIHEAM-Option Méditerranéennes, Série A*, 43: 101-109.
- Benzécri JP, 1973.** Théorie de l'information et classification d'après un tableau de contingence. L'analyse des données, tome 1, Ed. Dunod, Paris.
- Black W, 1993.** PCR with arbitrary primers: approach with care, *Insect Molecular Biology*, 2(1), 1{6).
- Boichard D, Le Roy P, Levéziel H, Elsen JM, 1998.** Utilisation des marqueurs moléculaires en génétique animale, *INRA Prod, Anim*, 11(1) : 67-80.
- Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW, 1980.** Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms, *Am J Hum Genet*, 32(3):314-31.
- Boubekeur A, Benyoucef MT, Lounassi M, Slimani A, 2015b.** Facteurs de variation des performances de croissance et de viabilité des agneaux D'men élevés sous des conditions d'élevage intensive. In: 7ème Séminaire International de Médecine Vétérinaire. Constantine, 11 et 12 avril 2015.
- Boubekeur A, et Benyoucef MT, 2012.** L'élevage familial des petits ruminants dans les oasis de la région d'Adrar (Algérie), *Renc, Rech, Ruminants*, 19 : p 307.



- Bouix J, Kadiri M, 1975.** Un des éléments majeurs de la mise en valeur des palmeraies : la race ovine D'men, CIHEAM - Options Méditerranéennes, No 26, P : 87-93.
- Boujenane I, 1999.** Les ressources génétiques ovines au Maroc, Actes Editions, Rabat, 136p.
- Boukhliq R, 2002.** Cours en ligne sur la reproduction ovine, Cours 1, Agriculture et élevage ovin au Maroc, Institut Agronomique et Vétérinaire Hassan II, IAV Hassan II – 2002.
- Bowling AT, 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, In Aberle et al 2007.
- BRG, (Bureau des Ressources Génétiques), 1998.** Charte Nationale pour la gestion des ressources génétiques, France. BRG, Rapport à l'OAA (Organisation des Nations Unis pour l'Alimentation et l'Agriculture), p. 56.
- Brown WM, George M, Wilson AC, 1979.** Rapid evolution of animal mitochondrial DNA, Proceedings of the national Academy of Sciences USA, 76, 1967-1971.
- Bruford MW, Wayne RK, 1993.** Microsatellites and their application to population genetic studies current opinion in Genetics and Development 3, 939 –943, In Moazami – Gondarzi K, (1994).
- Bucheton P, Murail MA, Thiéblemont C, 2008.** L'évolution comment ça marche, Editions Bordas- Manuel de l'élève, p : 112.
- Bunch TD, Vorontsov NN, Lyapunova E A, Hoffmann RS, 1998.** Chromosome number of Severtzov's sheep (*Ovis ammon severtzovi*): G-banded karyotype comparisons within *Ovis*. J. Heredity 89: 266–269.
- Campbell AW, Bain WE, McRae AF, Broad TE, Johnstone PD, Dodds KG, Veenvliet BA, Greer GJ, Glass BC, Beattie AE, Jopson NB, McEwan JC, 2003.** Bone density in sheep: genetic variation and quantitative trait loci localisation. Bone. 33:540–548.
- Camus–Kulandaivelu, 2007.** Évolution génomique du maïs durant son adaptation aux conditions européennes, Thèse de doctorat en génétique végétale, UMR 8120 (Gif–sur–Yvette, France), 145–159.
- Chabi Toko R, 2008.** Caractérisation phénotypique et gestion de la population de poulets locaux dans les communes de Dassa et de Toffo au Bénin, Mémoire DEA, Université d'Abomey-Calavi, 74.
- Chambers GK, MacAvoy ES, 2000.** Microsatellites : consensus and controversy, Comparative Biochemistry and Physiology, Part B, 126, 455-476.
- Charrier A, 2006,** Evolution historique de la notion de ressources génétiques dans le domaine végétal, Les ressources génétiques à l'orée de temps nouveaux, 18-19.

- 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, ISBN : 978-9931-438-04 5.
- Chellig, 1992.** Les races ovines algériennes, Editions, Office des Publications Universitaires, Alger, p 80.
- Chessa B, Pereira F, Arnaud, F, Amorim A, Goyache F, Mainland I, Palmarini M, et al, 2009.** Revealing the history of sheep domestication using retrovirus integrations, *Science* (New York, N.Y.), 324(5926), 532–536.
- Chikhi A, Boujenane I, 2005.** L'élevage du mouton et ses systèmes de production au Maroc : Chapitre 12 : Caractérisation zootechnique et génétique des races ovines Boujaad et Sardi, Ed, Bouchaïb Boulanouar, Raymond Paquay, INRA, Rabat, Maroc, p201-212.
- Cockett NE, Shay TL, Beaver JE, Nielsen D, Albretsen J, Georges M, Peterson K, Stephens A, Vernon W, Timofeevskaja O, South S, Mork J, Maciulis A, Bunch TD, 1999.** Localization of the locus causing spider lamb syndrome to the distal end of ovine chromosome 6, *Mamm Genome* 10:35–38.
- Cooper DN, Krawczak M, Antonorakis SE, 1995.** The nature and mechanisms of human gene mutation, In: C. Scriver, AL Beaudet, WS Sly, D, Valle (eds), *Metabolic and molecular bases of inherited disease*, 7th ed, 259-261, McGraw-Hill, New-York.
- Cornuet JM, Piry S, Luikart G, Estoup A, Solignac M, 1999.** New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. *Genetics* 153(4), 1989-2000.
- Crow JF. Kimura M, 1970.** An introduction to population genetics theory. Harper et Row, New-York.
- Dakin EE, Avise JC, 2004.** "Microsatellite null alleles in parentage analysis," *Heredity* 93(5): 504-509.
- Daniel B, 2000.** Races ovines et caprines françaises. Edition, France Agricole. Page. 302.
- De Meeûs T, 2012.** Initiation à la génétique des populations naturelles : Applications aux parasites et à leurs vecteurs, Marseille : IRD Editions.
- Delacretaz-Wolff AS, 1997.** Etudes génétiques et sérologiques des systèmes de groupes sanguins du mouton. Thèse Doctorat, Ecole Polytechnique Fédérale De Zurich, Suisse. p.190.
- Diez-Tascon C, Bayon Y, Arranz JJ, De La Fuente F, San Primitivo F, 2001.** Mapping quantitative trait loci for milk production traits on ovine chromosome 6, *J Dairy Res*; 68:389–397.

- Djaout A, Afri-Bouzebda F, Chekal F, El-Bouyahiaoui R, Rabhi A, Boubekour A, Benidir M, Ameer Ameer A, Gaouar S.B.S,(2017)** Etat de la biodiversité des races ovines algériennes, Gen. Biodiv. J. 1(1) 1- 17.
- Earl DA, vonHoldt BM, 2012.** STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method, Conservation Genetics Resources vol, 4 (2) 359-361.
- El Bouyahiaoui R, Arbouche F, Ghoulane F, Moulla F, Belkheir B, Bentrioua A, Hidra H, Mansouri H, IguerOuada M, Bellahreche A et Djaout A, 2015.**Répartition et phénotype de la race ovine Bleue de Kabylie ou Tazegzawt (Algérie), Livestock Research for Rural Development 27 (10).
- Evanno G, Regnaut S, Goudet, 2005.** Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study, MolEcol, 14: 2611–2620.
- Excoffier L, Lischer HEL, 2010.** Arlequin suite v 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. Molecular Ecology Resources, 10: 564-567.
- Fadlaoui A, 2006.** Modélisation bioéconomique de la conservation des ressources génétiques animales. PhD thesis, University Catholique De Louvain, p. 331.
- Falush D, Stephens M, Pritchard JK, 2007.** Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles, Mol, Ecol, Notes, 7:574–578.
- FAO stat 2014.** <http://faostat.fao.org/>
- 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<sup>er</sup> Avril 1977.
- FAO, 2004.** Measurement of domestic animal diversity – a review of recent diversity studies, Commission on Genetic resources for Food and Agriculture – Working group on animal genetic resources for food and agriculture, 3<sup>ème</sup> session, Rome, 31 mars-2 avril 2004, p 38.
- FAO, 2007.** The state of the world's animal genetic resources for food and agriculture, Manuel de formation.
- FAO, 2008.** L'état des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde, édité par Barbara Rischkowsky et Dafydd Pilling. Rome. P 3888.
- FAO, 2011.** Molecular Genetic Characterization of Animal Genetic Resources, Rome, Italy: Food and Agricultural Organization of the United Nations; 2011.

- FAO, 2012.** Réalisation d'enquêtes et de suivi pour les ressources zoogénétiques, Directives FAO : Production et santé animales.
- FAO. 1992.** The management of global animal genetic resources. Proceedings of an Expert Consultation, Rome, Italie. Animal Production and Health, No.104.
- FAO/PNUE, 2000.** Liste mondiale d'alerte pour la diversité des animaux domestique, 3ème édition édité par B.D. Scherf. Rome.
- Farid A, O'Reilly E, Kelsey JCR, 2000.** Genetic analysis of ten sheep breeds using microsatellite markers. *Can J Anim Sci.* 80:9–17.
- Feliachi K, Kerboua M, Abdelfettah M, Ouakli K, Selhab F, Boudjakdji A, Takoucht A, Benani Z, Zemour A, Belhadj N, Rahmani M, Khecha A, Haba A, Ghenim H, 2003.** Commission Nationale AnGR : Rapport National sur les Ressources Génétiques Animales : Algérie, Point focal algérien pour les ressources génétiques, Direction Générale de l'INRAA.
- Felsenstein J, 1985.** Confidence limits on phylogenics: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39, 783-791.
- Felsenstein J, 1993.** PHYLIP Phylogeny inference Package, Version 3.5 Edition. Department of Genetics. Washington University, Seattle.
- Fotsa JC, 2008.** Caractérisation des populations de poules locales (*Gallus gallus*) au Cameroun. Ph.D thesis, AgroParisTech, p. 301.
- Freking BA, Murphy SK, Wylie AA, Rhodes SJ, Keele JW, 2002.** Identification of the single basechange causing the callipyge muscle hypertrophy phenotype, the only known example of polaroverdominance in mammals, *Genome Res* 12:1496–1506.
- GALLAIS A. 1994.** Quel avenir pour l'amélioration des plantes ? Ed. AUPELF-UREF. John Libbey Eurotext. Paris. pp. 387-397
- Gaouar SBS, 2002.** Contribution à l'étude moléculaire de la variabilité e génétique : caractérisation de deux races ovines algériennes [Thèse de Magister], Université des sciences et de technologie d'Oran (USTO).
- Gaouar SBS, 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).
- Gaouar SBS, Da Silva A, Ciani E, Kdidi S, Aouissat M, Dhimi L, Lafri M, Maftah A, Mehtar N, 2015b.** Admixture and local breed marginalization threaten Algerian sheep diversity, *PLoS One*, 10:e0122667.

- Gaouar SBS, Kdidi S, Ouragh L, 2016a.** Estimating population structure and genetic diversity of five Moroccan sheep breeds by microsatellite markers, *Small Rumin Res*, 144:23–27.
- Gaouar SBS, Kdidi S, Tabet Aouel N, Aït-Yahia R, Boushaba N, Aouissat M, Dhimi L, Yahyaoui MH, Saidi-Mehtar N, 2014.** Genetic admixture of North African ovine breeds as revealed by microsatellite loci, *Livest Res Rural Dev*, 26:7.
- Gaouar SBS, Kdidi S, Tabet Aouel N, Aïtyahia R, Boushaba N, Aouissat M, Saidi-Mehtar N, 2015a.** Investigation of genetic relationships among Hamra and Beni-Ighil sheep breeds based on microsatellite markers, *Small Rumin Res*, 90:101–108.
- Gaouar SBS, Lafri M, Djaout A, El-Bouyahiaoui R, Bouri A, Bouchatal A, Maftah A, Ciani E, Da Silva A, 2016b.** Genome-wide analysis highlights genetic dilution in Algerian sheep, *Heredity*, 118:293–301.
- Gaouar SBS, Tabet-Aoul N, Khaïb dit Naïb O, Hamouda L, Boushaba N, Brahami N, Aouissat M, Dhimi L, Saïdi Mehtar N, 2011.** Genetic variability and phylogenetic relationships of ovine Algerian breeds using microsatellites, *New Trends Innov Mediterran Anim Prod*, 129:52–54.
- Giambra IJ (2011)** Ovine Milk Proteins: DNA, mRNA, and protein analyses and their associations to milk performance traits. Thesis. Doct, Justus-Liebig-University Gießen (Germany), p130.
- Goldammer T, Di Meo G, P, Lühken G, Drögemüller C, Wu C, H, Kijas J, Dalrymple B, P, Nicholas F, W, Maddox J, F, Iannuzzi L, Cockett N, E, 2009.** Molecular Cytogenetics and Gene Mapping in Sheep (*Ovis aries*, 2n = 54), *Cytogenet Genome Res* 126:63-76.
- Goudet J, 2001.** **FSTAT (Version 2,9,3).** A Program to Estimate and Test Gene Diversities and Fixation Indices, Lausanne, Switzerland: University of Lausanne.
- Grubb P, 2005.** Order Artiodactyla. In Wilson, D.E. & Reeder, D.M. (eds.) *Mammal Species of the World*, Third Edition. The Johns Hopkins University Press, Baltimore. 637-722.
- Guo SW, Thompson EA, 1992.** Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles, *Biometrics*, 48, 361-372.
- Hainzelin E, 2013.** Cultiver la biodiversité pour transformer l'agriculture, Editions Quae, p 264.
- 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 RG, 1989.** Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolution biology, *Trends in Ecology and Evolution*, 4, 6-11.
- Hartl DL, 1988.** Génétique des populations. Médecine-Science Flammarion, Paris : p.305
- Hartl DL, Clark AG, 1997.** Principles of population genetics, Sinauer Associates, INC Cenderland.
- Hiendleder S, Mainz K, Plante Y, Lewalski H, 1998.** Analysis of mitochondrial DNA indicates that the domestic sheep are derived from two different ancestral maternal sources: no evidences for the contribution from urial and argali sheep, *Journal of Heredity*, 89: 113–120.
- Hill EW, Bradley DG, Al-Barody M, Ertugol O, Splan R K, Zakharov I, Cunningham EP, 2002.** History and integrity of thoroughbred dam lines revealed in equine mtDNA variation, *Anim, Genet*, 33, 287–294.
- Hoda A, Marsan PA, 2012.** Genetic characterization of Albanian sheep breeds by microsatellite markers, analysis of genetic variation in animals. In: Caliskan M, editor. Analysis of genetic variation in animals. Rijeka, Croatia: InTech; p. 3–26.
- Hubisz MJ, Falush D, Stephens M, Pritchard JK, 2009.** Inferring weak population structure with the assistance of sample group information, *Mol, Ecol, Resour*, 9:1322–1332.
- Huson DH, Scornavacca C, 2012.** Dendroscope 3- An interactive viewer for rooted phylogenetic trees and networks, *Systematic Biology*; doi: 10.1093/sysbio/sys062.
- Jeffreys AJ, Wilson V, Thein SL, 1985.** Hypervariable ‘minisatellite’ regions in human DNA. *Nature*, 314, 67-73.
- Joly D, 2005.** Analyse de la diversité génomique des populations de *Cronartium ribicola*, agent responsable de la rouille vésiculeuse du pin blanc, Mémoire présenté pour l’obtention du grade de maître des sciences, Faculté des études supérieures, Université Laval.
- Jores D’Arces P, 1947.** L’élevage en Algérie : Amélioration et développement, 93p, éditions Guianchain, Alger.
- Jyotsana B, Jakhesara S, Prakash V, Rank DN, Vataliya PH, 2010.** Genetic features of Patanwadi, Marwari and Dumba sheep breeds (India) inferred by microsatellite markers. *Small Rumin Res.* 93:57–60.
- Kalinowski ST, Taper ML, Marshall TC, 2007.** Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment, *Molecular Ecology* 16:1099-1106.

- Kanoun M, Ibrahimi M, Kanoun-Meguellati A, Boulegroune A, Benidir M, 2008.** Savoir faire et termes locaux chez les communautés pastorales dans la région de Djelfa, Idition INRAA, p119.
- Kanoun M, Kanoun A, 2004.** Transformation des systèmes d'élevage ovin en milieusteppe : Cas de la région de Djelfa, Algérie, Transformation of sheep breedingsystems in the steppe environment: the Djelfa area, Algeria, Renc, Rech, Ruminants, 11, 232.
- 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, 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 JH, Gonzalez-Calvo L, Ben-Sassi M, Khorchani T, Yahyaoui MH, 2015.** Genetic relationship and admixture in four Tunisian sheep breeds revealed by microsatellite markers. Small Rumin Res. 131:64–69.
- 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.
- Klungland H, Vage DI, Gomez-Raya L, Adalsteinsson S, Lien S, 1995.** The role of melanocyte stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination, Mammalian Genome, 6, 636-639.
- Lafri M, Ferrouk M, Harkat S, Routel A, Medkour M, 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, Soller M, 2000.** Geographic and breed distribution of an Msp I PCR-RFLP in bovine growth, Animal Genetics, 31: 210–213.
- Laliberté HY, 1998.** Caractérisation de la variabilité et des distances génétiques des bovins de race canadienne, suisse-brune et Holstein à l'aide du polymorphisme des caséines et de marqueurs microsatellites. Mémoire de maîtrise en science biologiques. Université de Sherbrooke, Québec, Canada, 74 P.
- Laoun A, 2007.** Magistère des sciences vétérinaires : Étude morpho- biométrique d'un échantillonnage d'une population ovine de la région de Djelfa, Option :Zootechnie, Algérie, p 115.

- Lauvergne J, 1982**, Génétique en populations animales después de la domesticación, consecuencias para la conservación de las razas, Proceedings of the 2nd World Congress on Genetics applied to Livestock Production, Madrid, pp, 77-78.
- Lee MA, Keane OM, Glass BC, Manley TR, Cullen NG, Dodds KG, McCulloch AF, Morris CA, Schreiber M, Warren J, Zadissa A, Wilson T, McEWAN JC, 2006**. Establishment of a pipeline to analyze non-synonymous SNPs in Bos Taurus, BMC, Genomics 7, 298.
- Leroy G, 2008**. Genetic diversity and breed management in dogs, Ph,D Thesis, AgroParisTech, p:210.
- Levinson G, Gutman GA, 1987**. Molecular Biology and Evolution, 4(3), 203-221.
- Li JZ., Absher DM, Tang H, Southwick AM, Casto AM, Ramachandran S, Cann HM, Barsh GS, Feldman M, Cavalli-Sforza LL, Myers RM 2008**. Worldwide human relationships inferred from genome-wide patterns of variation. Science 319:1100-1104.
- Linnaeus, C. 1758**. Systema Naturae per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis. Editio decima, reformata. Laurentius Salvius: Holmiae. II, p824.
- Loukovitis D, Siasiou A, Mitsopoulos I, Lymberopoulos AG, Laga V, Chatzipli D, 2016**. Genetic diversity of Greek sheep breeds and transhumant populations utilizing microsatellite markers. Small Rumin Res. 136:238–242.
- MacDonald PA, McEwan JC, Goosen GJ, Dodds KG, Green RS, et al : 2003**. A ‘daginess’ QTL in sheep, Proceeding XXVIth Intern Conf Anim Genet, Auckland, New Zealand, 1998.
- MADRPM/DERD, 2005**. La race prolifique ovine D'men, 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.
- MADRPM/DERD, 2007**. La race ovine Sardi, Ses performances en race pure et en croisement, Bulletin mensuel d'information et de la liaison su PNTTA, Transfert de technologie en agriculture, N°149 : Génétique ovine, 2007.
- Magneville D, 1959**. Observation sur le mouton Algérien, ses qualités et ses défauts, Elevage et Cultures 126 : 12-17,9.
- Mantel N, 1967**. The detection of disease clustering and generalized regression approach. Cancer Res. 27 : 209-220.
- Marie DESBOIS AC, 2008**. Contribution a l'étude d'une race ovine irlandaise : le mouton Galway, l'école nationale vétérinaire de Toulouse, France, pp : 78



- Marmet R, 1970.** La connaissance du bétail, Tome 1 : les bovins, Edition J. B.Baillière et Fils.
- Marshall TC, 2006.** CERVUS, 3,0, Cervus is a computer program for assignment of parents to their offspring using genetic markers, Cervus, a Windows package for parentage analysis using likelihood approach, CERVUS was written by Tristan Marshall (1998/2006) <http://www.fieldgenetics.com> (Erişimtarihi: 02,07,2008).
- 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,
- McLaren RJ, Rogers GR, Davies KP, Maddox JF, Montgomery GW, 1997.** Linkage mapping of wool keratin and keratin-associated protein genes in sheep, *Mamm Genome* 8:938–940.
- Meradi S, Moustari A, Chekal F, Benguigua Z, Ziad M, Mansori F, Belhamra M, 2012.** Situation de la population ovine "la race El hamra" en Algerie", *Journal Algérien des Régions Arides*, N° Spécial, CRSTRA -28 -38.
- Miller SA, Dykes DD, Polesky HF, 1988.** A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells, *Nucleic Acids Res* 16, 1215.
- Montaldo HH, Meza-Herrera CA, 1998.** Use of molecular markers and major genes in the genetic improvement livestock, *Electronic journal of Biotechnology*, 1, 1 – 7.
- Montgomery GW, Henry HM, Dodds KG, Beattie AE, Wuliji T, Crawford AM, 1996.** Mapping theHorns (Ho) locus in sheep: a further locus controlling horn development in domestic animals, *JHered*; 87:358–363.
- Moret L, 1966.** Manuel de paléontologie animale, Masson et Cie.
- Moulla F, El-Bouyahiaoui R, 2015.** Populations ovines locales algériennes de la kabylie : Ressources génétiques animales méconnues et en danger d’extinction, In Workshop National : Valorisation des races locales ovines et caprines à faibles effectifs «Un réservoir de diversité génétique pour le développement local »,02-03 Mars 2015, INRAA, Alger.
- Nadler CF, Hoffmann RS, Woolf A, 1973b.** G-band patterns as chromosomal markers, and the interpretation of chromosomal evolution in wild sheep (*Ovis*). *Experientia* 29, 117–119.
- Nadler CF, Korobitsina KV, Hoffmann RS, Vorontsov NN, 1973a.** Cytogenetic differentiation, geographic distribution and domestication of palaeartic sheep (*Ovis*). *Zeitschrift für Säugetierkunde* 38, 109–125.

- Negrini R, Milanese E, Bozzi R, Pellecchia M, Ajmone-Marsan P, 2006.** Tuscany autochthonous cattle breeds: an original genetic resource investigated by AFLP markers. *J. Anim. Breed. Genet.* 123, 10–16.
- Nei M, 1972.** Genetic distance between populations, *Am Nat*, 106: 283–292.
- Nei M, 1973.** Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 70(12 Pt 1-2), 3321–3323.
- Nei M, 1978.** Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from a Small Number of Individuals. *Genetics*, 89(3), 583–590.
- Nei M, 1987.** *Molecular evolutionary genetics*, Columbia University Press, New York, USA 70: 3321-3323.
- Nei M, Roychoudhury AK, 1974.** Sampling Variances of Heterozygosity and Genetic Distance. *Genetics*, 76(2), 379–390.
- Nicholl GB, Burkin HR, Broad TE, Jopson NB, Greer GJ, et al,1998.** Genetic linkage of microsatellitemarkers to the Carwell locus for rib-eye muscling in sheep, *Proceedings of the 6th World Congresson Genetics Applied to Livestock Production*; 26:529–532.
- Nielsen D, Steele MR, et al:1994.** Chromosomal localization of thecallipyge gene in sheep (*Ovis aries*) using bovine DNA markers, *Proc Natl Acad Sci USA*.91:3019–3023,
- Nikolic N, 2009.** Diversité génétique et taille efficace chez les populations de poissons sauvages : le cas du saumon atlantique un poisson migrateur amphihaline menacé. Ph.D Thesis, Université Toulouse III, p. 301.
- Ollivier L, Chevalet C, Fouley JL, .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.
- Othman OEM, Payet-Duprat N, Harkat S, Laoun A, Maftah A, Lafri M, Da Silva A, 2016.** Sheep diversity of five Egyptian breeds: genetic proximity revealed between desert breeds: local sheep breeds diversity in Egypt. *Small Rumin Res.* 144:346–352.
- Parker HG, Kim LV, Sutter NB, Carlson S, Lorentzen TD, Malek TB, Johnson GS, DeFrance HB, Ostrander EA, Kruglyak L, 2004.** Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science.* 304, 1160–1164.
- Peakall R, Smouse PE, 2006.** **GENALEX 6:** Genetic Analysis in Excel, Population genetic software for teaching and research, *MolEcol Notes*, 6: 288–295.
- Peakall R, Smouse PE, 2012.** **GenALEX 6,5:** genetic analysis in Excel, Population genetic software for teaching and research – an update, *Bioinformatics* 28: 2537-2539.

- Pedrosa S, Uzun M, Arranz JJ, GutiérrezGil B, San Primitivo F, Bayon Y, 2005.** Evidence of three maternal lineages in near eastern sheep supporting multiple domestication events, *Proceedings of the Royal Society of London B*, 272(1577): 2211–2217.
- Peters J, Helmer D, von den Driesch A, Segui S, 1999.** Animal husbandry in the northern Levant, *Paléorient*, 25: 27–48.
- Petit RJ, El Mousadik A, Pons O, 1998.** Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers, *Conservation Biology*, 12:844-855.
- Piry S, Alapetite A, Cornuet JM, Paetkau D, Baudouin L, Estoup A, 2004.** GENECLASS2: a software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity* 95, 536-539.
- Pitel, F, Riquet J, 2000.** Les marqueurs anonymes et la détection de leur polymorphisme, *Productions Animales*, HS 2000, 45-53.
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P, 2000.** Inference of population structure using multilocus genotype data, *Genetics*, 155: 945–959.
- Rannala B, Mountain JL, 1997.** Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 94, 9197-9201.
- Rao KB, Bhat KV, Totey SM, 1996.** Detection of species – specific genetic markers infarm animal thought random amplified polymorphic DNA (RAPD), *Genetic anal*, 13 (5), 135 – 138.
- Raymond M, Rousset F, 1995.** GENEPOP (Version 1,2): Population Genetics software for exact tests and ecumenism, *Journal of Heredity* 86, 248-249
- Reynolds J., Weir B. et Cockerham C. (1983):** Estimation for the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105, 767-779.
- Rincon G, D'Angelo M, Gagliardi R, Kelly L, Llambi S, Postiglioni A, 2000.** Genomic polymorphism in Uruguayan Creole cattle using RAPD and microsatellite markers, *Research in Veterinary Science*, 69:171-174.
- Rognon X, 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.
- Rouissi H, Ben Souissi N, Dridi S, Chaieb K, Tlili S, Ridene J, 2001.** Performances zootechniques de la race ovine Sicilo-Sarde en Tunisie, In : Rubino R, (ed.), Morand-Fehr P, (ed.), *Production systems and product quality in sheep and goats, Options Méditerranéennes: Série A, Séminaires Méditerranéens ; n, 46, P: 231-236.*

- Ryder ML, 1984.** Sheep, Dans I, L, Mason, Ed, Evolution of domesticated animals, pp: 63 - 65, Londres, Longman.
- Sagne J, 1950.** L'Algérie Pastorale, Edit imp, Fontanna,
- Saitou N, Nei M, 1987.** The Neighbor-Joining Method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4, 406-425
- Saleh D, 2008.** Structuration génétique des populations de l'aleurode *Bemisia tabaci* : Importance du biotype, de l'origine géographique et de la plante-hôte chez un complexe d'espèces phytophages, Thèse Master 2, Centre de Biologie et de Gestion des Populations (CBGP), MONTPELLIER, France, P59.
- Santos-Silva F, Ivo RS, Sousa MCO, Carolino MI, Ginja C, Gama LT, 2008.** Assessing genetic diversity and differentiation in Portuguese coarse-wool sheep breeds with microsatellite markers. *Small Rumin Res.* 78:32–40.
- SheJX, Autem M, Kotoulas G, Pasteur N, Bonhomme F, 1987.** Multivariate analysis of genetic exchanges between *Solea aegyptiaca* and *Solea senegalensis* (Teleosts, Soleidae), *Biol, J, Linn, Soc*, 32: 357-371.
- Skouri M, Sarson M, Tchamitchian L. 1969.**D'un essai d'engraissement industriel d'agneaux de race Barbarine. *Doc. Tech., INRAT*, No. 42
- Smit MA, Cockett NE, Beever JE, Shay TL, Eng SL, 2002.** Scrapie in sheep: a transmissible spongiformencephalopathy, *Sheep Goat Res J.* 17:21–32.
- 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.
- Société Impériale Zoologique d'Acclimatation, 1859.**Bulletin mensuel de la Société Impériale Zoologique d'Acclimatation, Volume 6, La bibliothèque de l'État de Bavière, Paris, 1859, P620.
- Solignac M, Periquet G, Anxolabéhère D, Petit C, 1995.** Génétique et évolution Tome II. L'espèce, l'évolution moléculaire. Collection Méthodes ; Hermann, Editeurs des Sciences et des Arts. 367pp.
- Sponenberg DP: Genetics of colour and hair texture, in Piper L, Rubinsky A (eds):1997.** The Geneticsof Sheep, Oxon, UK: CAB International, pp 51–86,7 Cockett NE, Jackson SP, Shay TL.
- Stahlberger-Saitbekova N, Schläpfer J, Dolf G, Gaillard C. 2001.** Genetic relationships in Swiss sheep breeds based on microsatellite analysis. *J Anim Breed Genet.* 118 : 379–387

- Tabet-Aoul K, 1999.** Caractérisation régionale d'un panel d'hybrides somatiques hamstermouton et contribution à la cartographie chromosomique du génome ovin. Thèse doctorat. Université François Rabelais, Tours
- Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipinski A, Kumar S, 2013.**MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6,0, *Molecular Biology and Evolution*:30 2725-2729.
- Tan P, Allen JG, Wilton SD, Akkari PA, Huxtable CR, Laing NG, 1997.** A splice-site mutation causing ovine McArdle's disease, *Neuromuscul Disord*; 7:336–342.
- Tapio M, Marzanov N, Ozerov M, Cinkulov M, Gonzarenko G, Kiselyova T, Murawski M, Viinalass H, Kantanen J, 2006.** Sheep mitochondrial DNA in European Caucasian and central Asian areas, *Molecular Biology and Evolution*, 23(9): 1776–1783.
- Tixier-Boichard M, 2006.** Evolution du concept de ressources génétiques animales, BRG (Ed.), *Les ressources génétiques à l'orée des temps nouveaux*, p,20-21.
- Toro M, Lero A, 2004.** charecterisation and concervation of genetic diversity between breeds. 55 the Annual Meeting of the European Association of Animal Production, Bled, Slovenia, 5-8 September 2004.
- Trommelen GJ, Den Daas JH, Vijg J, Uitterlinden AG, 1993.** DNA profiling of cattle using microsatellite and minisatellite, *Animal Genetics*, 24 (4), 235 – 241.
- Trouette M, 1929.** Les races d'Algérie, Congrès du mouton, Paris 9, 10,11 Dec 1929, 299-302.
- Turries V, 1976.** Les populations ovines algériennes, chaire de zootechnie et de pastoralisme, 16p, INA, Alger.
- Valdez R, Nadler CF, Bunch, TD, 1978.** Evolution of wild sheep in Iran. *Evolution* 32, 56–72.
- Vawter L, Brown WM, 1986.** Nuclear and mitochondrial DNA comparison revealexterne rate in the molecular clock, *Science*, 234, 194-196.
- Verrier E, colleau JJ, Foulley JL, 1989.** Perspectives d'évolution de la variabilité génétique et possibilité de progrès à long terme dans les populations animales sélectionnées, In : Molénat M, et Verrier E, *la gestion des ressources génétiques des espèces animales domestiques*, Ed Lavoisier, 62-70.
- 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, *Ethnozootecnie*, 67-82.
- Verrier, E, Moureaux, S, Boichard D, Dancuin-Burge C, Avon L, 2001.** Gérer la variabilité génétique des populations d'élevage : l'exemple des races bovines françaises,

depuis les races en conservation jusqu'aux races nationales et internationales, 6<sup>ième</sup> Carrefour des Productions Animales, Gembloux, 24 janvier 2001, p, 43-51.

- Vignal A, Milan D, SanCristobal M, Eggen A, 2002.** A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics, *Genetics Selection Evolution*, 34(3), 275-305.
- Vivicorsi MP, 1998.** Contribution à l'étude de la sauvegarde des races domestiques menacées de disparition. L'exemple de la chèvre du Rove. Thèse Méd. Vét., Lyon, n°56, 139 p.
- Vos P, Hogers R, Bleeker M, Van De Lee T, Hornes M, Frijters A, Pot J, Peleman J, Kuiper M, Zabeau M, 1995.** AFLP: a new technique for DNA fingerprinting, *Nucleic Acids Research*, 23, 4407-4414.
- Weir BS, Cockerham CC, 1984.** Estimating F-statistics for the analysis of population structure, *Evolution* 1984; 38: 1358–1370.
- Williams JGK, Kublik AR, Livak KJ, Rafalski JA, Tingey SV, 1990.** DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers, *Nucleic Acids research*, 18, 6531-6535.
- Wright S, 1931.** Evolution in Mendelian populations, *Genetics*, 16:0097–0159.
- Wright S, 1968.** Evolution and the genetics of population, University of Chicago Press, Chicago.
- Wright S, 1969.** Evolution and the genetics of populations. University of Chicago press, Chicago, USA.
- Wright S, 1978.** Evolution and the Genetics of populations Variability within and Among Natural Population. University of Chicago.
- Yang YH, Kim KI, Cothran EG, Flannery AR, 2002.** Genetic diversity of Cheju Horses (*Equus caballus*) determined by using mitochondrial DNA D-loop polymorphism, *Biochem, Genet*, 40, 175–186.
- Yeh FC, Yang RC, Boyle TBJ, Ye ZH, Mao JX, 1997.** POPGENE: The User-Friendly Shareware for Population Genetic Analysis, Edmonton, AB, Canada: University of Alberta; 1997.
- Yilmaz O, Cemal I, Karaca O. 2014.** Genetic diversity in nine native Turkish sheep breeds based on microsatellite analysis. *Anim Genet*. 45:604–608.

---

# ANNEXES

---

## ANNEXES

**Annexe 1.** Protocole d'extraction d'ADN à partir du sang total par la technique NaCl « Salting Out »

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,

### **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,

### **2- Étapes 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 15 ml 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 30 mn (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 15 mn, le surnageant est éliminé et le culot obtenu est suspendu dans 30 ml 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, 1500 µl de solution de lyse (SLB : Tris/Hcl 10mM, EDTA 0,1 M, 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 l µl 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 µl 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 4000 tours/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 µl 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 24 h pour avoir enfin un ADN complètement dissout prêt à être utilisé (dosage, PCR...).

## Annexe 2. Les résultats de la lecture des pics après l'analyse des fragments par le séquenceur automatique

MULTIPLEX1																
		OARFCB304		INRA0123		OARCP34		INRA0132		D5S2		BM1818		BM8125		
3 Race	Code	148-190		195-225		112-130		152-178		190-210		248-284		110-130		
13	Barbarine	13FT	170	184	195	201	114	120	148	168	188	192	0	0	114	134
14	Barbarine	14FT	182	182	201	201	108	118	146	158	192	192	254	254	114	136
15	Barbarine	10FT	170	186	195	209	114	128	156	174	188	194	248	248	112	120
16	Barbarine	11FT	170	170	195	203	120	120	146	172	194	194	248	288	120	132
17	Barbarine	12FT	172	172	201	201	112	128	146	174	186	192	0	0	110	134
18	Barbarine	BARIF111040	150	168	201	219	114	122	154	176	188	188	248	248	114	138
19	Barbarine	BARIF10125	178	178	199	209	118	126	156	166	188	188	248	284	114	138
20	Barbarine	BARIF13153	162	184	209	211	112	128	148	166	188	196	248	264	114	136
21	Barbarine	BARIF13178	168	188	211	225	110	128	148	168	188	216	248	270	120	128
22	Barbarine	BARIM1001	146	186	197	209	112	118	146	168	188	194	248	272	114	138
23	Barbarine	BARIM1327	162	186	209	217	118	128	146	174	188	192	0	0	114	136
24	Barbarine	BARIM1223	150	186	199	209	112	118	146	160	188	192	248	262	112	134
25	Ouled Djellal	ODM01	170	190	211	215	102	112	170	176	190	202	250	264	114	136
26	Ouled Djellal	ODM02	168	174	193	215	112	120	156	160	186	186	248	288	120	134
27	Ouled Djellal	ODM89	162	170	197	205	112	120	160	178	194	202	260	260	128	138
28	Ouled Djellal	ODM95	174	188	195	211	106	116	178	178	190	200	266	290	116	116
29	Ouled Djellal	ODM310	158	178	197	209	118	126	150	168	188	214	248	292	114	134
30	Ouled Djellal	ODF03	162	184	205	217	110	130	146	146	194	204	256	268	100	134
31	Ouled Djellal	ODF4	168	174	195	207	102	110	178	178	0	0	274	274	114	126
32	Ouled Djellal	OAM123	162	184	205	211	114	118	146	154	186	208	250	290	106	106
33	Ouled Djellal	OAM94	152	184	197	221	114	118	146	164	186	194	252	294	116	128
34	Ouled Djellal	OAF1001	162	182	205	209	110	128	148	154	188	204	248	288	114	124

## Annexe 3. Les fréquences d'allèles nuls (p)

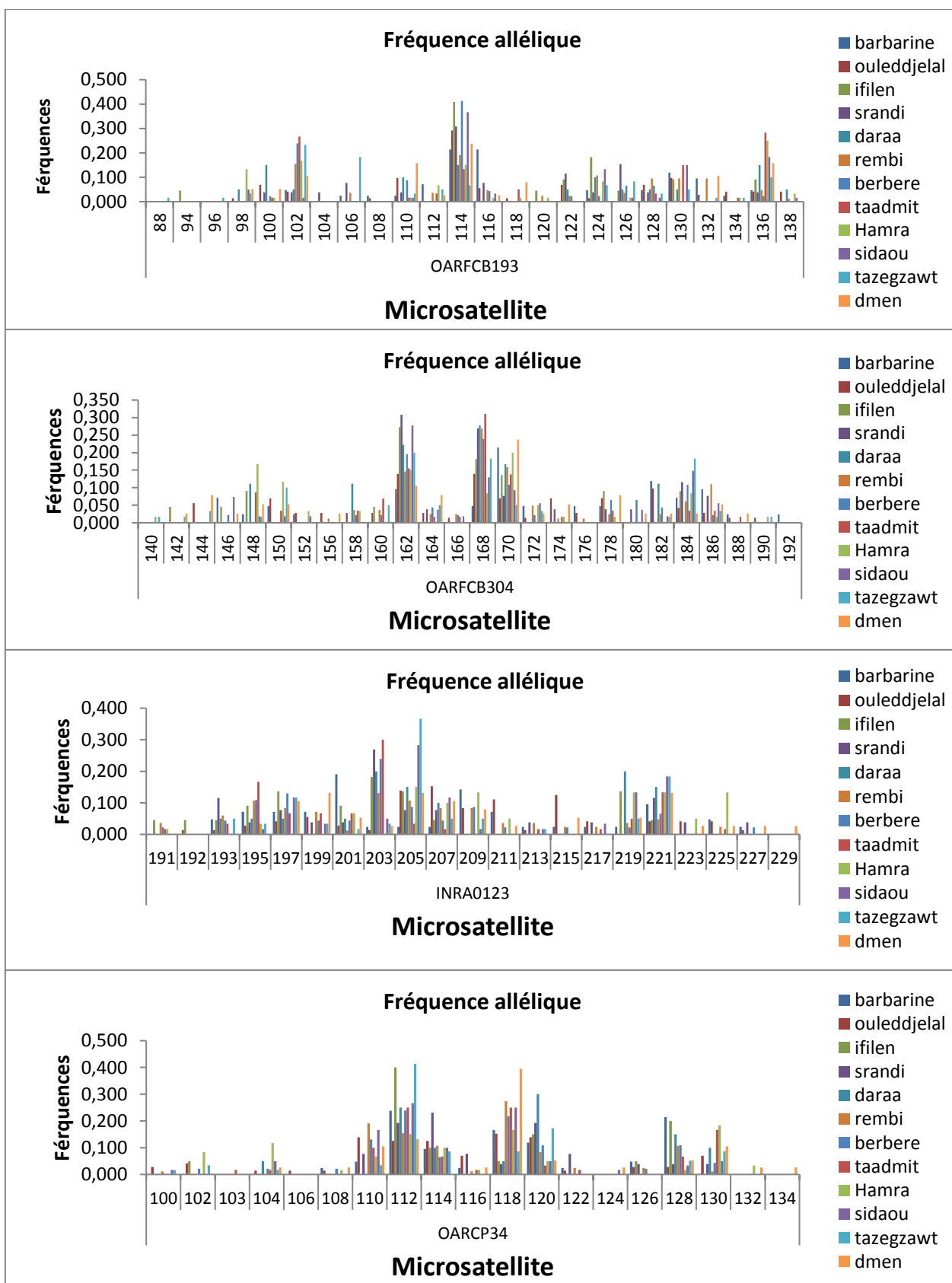
Locus	Populations											
	BB	OJ	IL	SR	DR	RB	BR	TD	HR	SD	TG	DM
<i>OARFCB193</i>	0,1070	0,0837	0,0194	0,0527	0,2041	0,0990	0,0771	0,0000	0,0591	0,0769	0,1114	0,0994
<i>OARFCB304</i>	0,0899	0,0991	0,0280	0,0000	0,0400	0,0998	0,0772	0,1226	0,0307	0,0990	0,0987	0,0351
<i>INRA0123</i>	0,0000	0,0391	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0189
<i>OARCP34</i>	0,0000	0,0571	0,0000	0,0000	0,0126	0,0287	0,0000	0,085	0,0257	0,0000	0,0000	0,0322
<i>INRA0132</i>	0,0000	0,0029	0,1012	0,0000	0,0000	0,0283	0,0000	0,0474	0,0470	0,0462	0,0359	0,0000
<i>D5S2</i>	0,1158	0,0786	0,0000	0,0490	0,0000	0,0695	0,0463	0,0000	0,0000	0,0992	0,0000	0,0000
<i>BM1818</i>	0,0612	0,1693	0,0459	0,0727	0,1048	0,1808	0,1091	0,1066	0,1655	0,0735	0,0697	0,1375
<i>BM8125</i>	0,0522	0,0326	0,0217	0,0000	0,0000	0,1041	0,0223	0,0000	0,0155	0,0000	0,0247	0,0000
<i>MCM0527</i>	0,0000	0,0437	0,0000	0,0131	0,1808	0,0368	0,1255	0,0000	0,1032	0,0000	0,0000	0,0618
<i>CSRD0247</i>	0,0000	0,0642	0,0000	0,0000	0,0000	0,0246	0,0064	0,0168	0,0000	0,1261	0,0583	0,0000
<i>OARFCB128</i>	0,0326	0,0425	0,0000	0,0305	0,0800	0,0153	0,0000	0,0000	0,0640	0,0000	0,0509	0,1402
<i>BM1329</i>	0,0455	0,0000	0,0923	0,0781	0,1048	0,0175	0,0000	0,0872	0,1001	0,0401	0,0000	0,0000
<i>HSC</i>	0,0278	0,0851	0,0580	0,0303	0,1839	0,0526	0,0000	0,0000	0,0897	0,0560	0,0199	0,0696
<i>OARJMP29</i>	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0527	0,0304	0,0672	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
<i>MAF214</i>	0,0124	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0404	0,0000	0,0000	0,0000	0,0787	0,0000

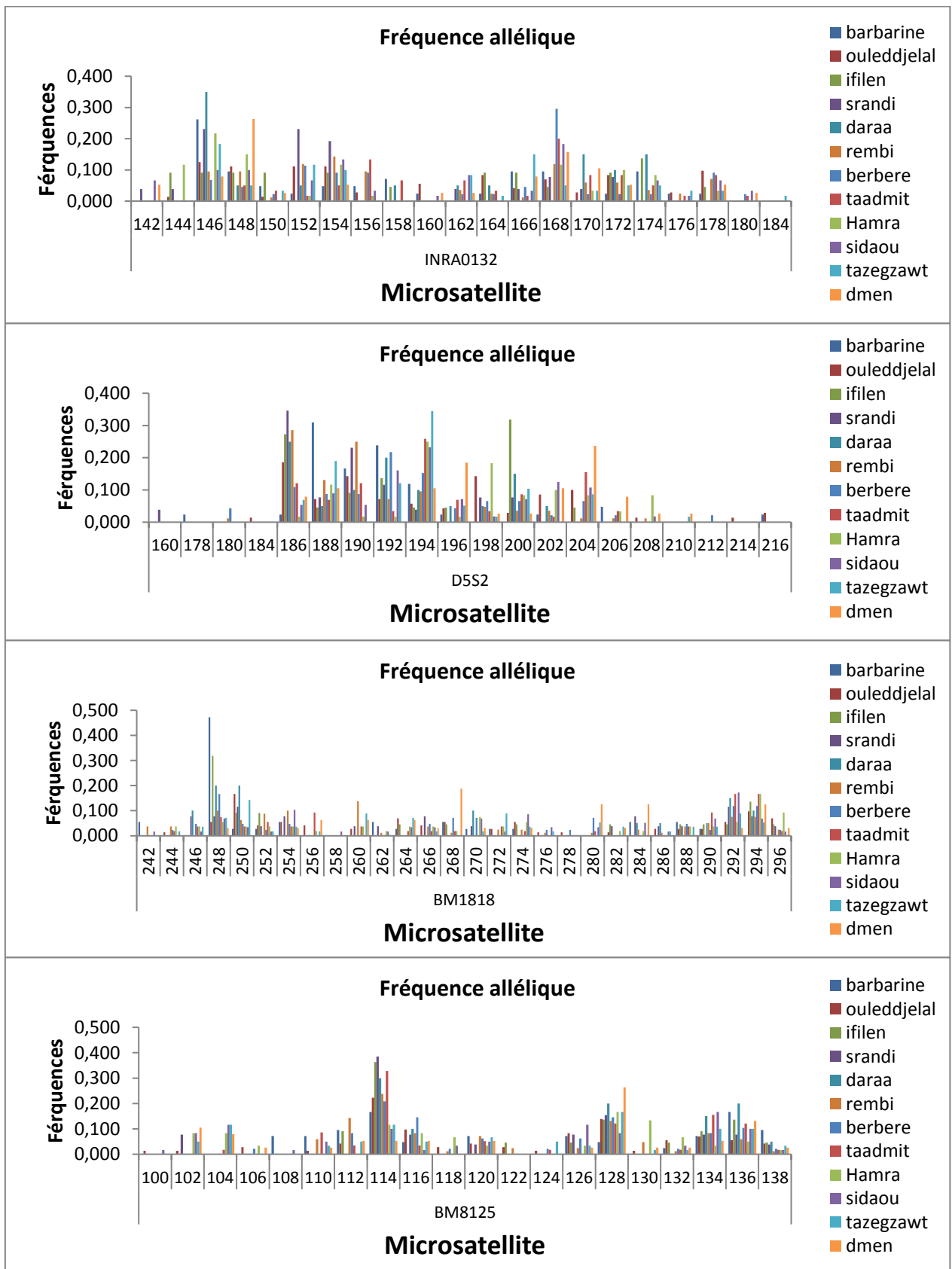
**BB:**Barbarine, **OJ :** Ouled Djellal, **IL :**Ifilène, **SR :** Srandi, **DR :**Dâraa, **RB :** Rembi, **BR :**Berbère, **TD :**Taâdmit, **HR :**Hamra, **SD :**Sidaoun, **TG :**Tazegawt, **DM :** D'men.

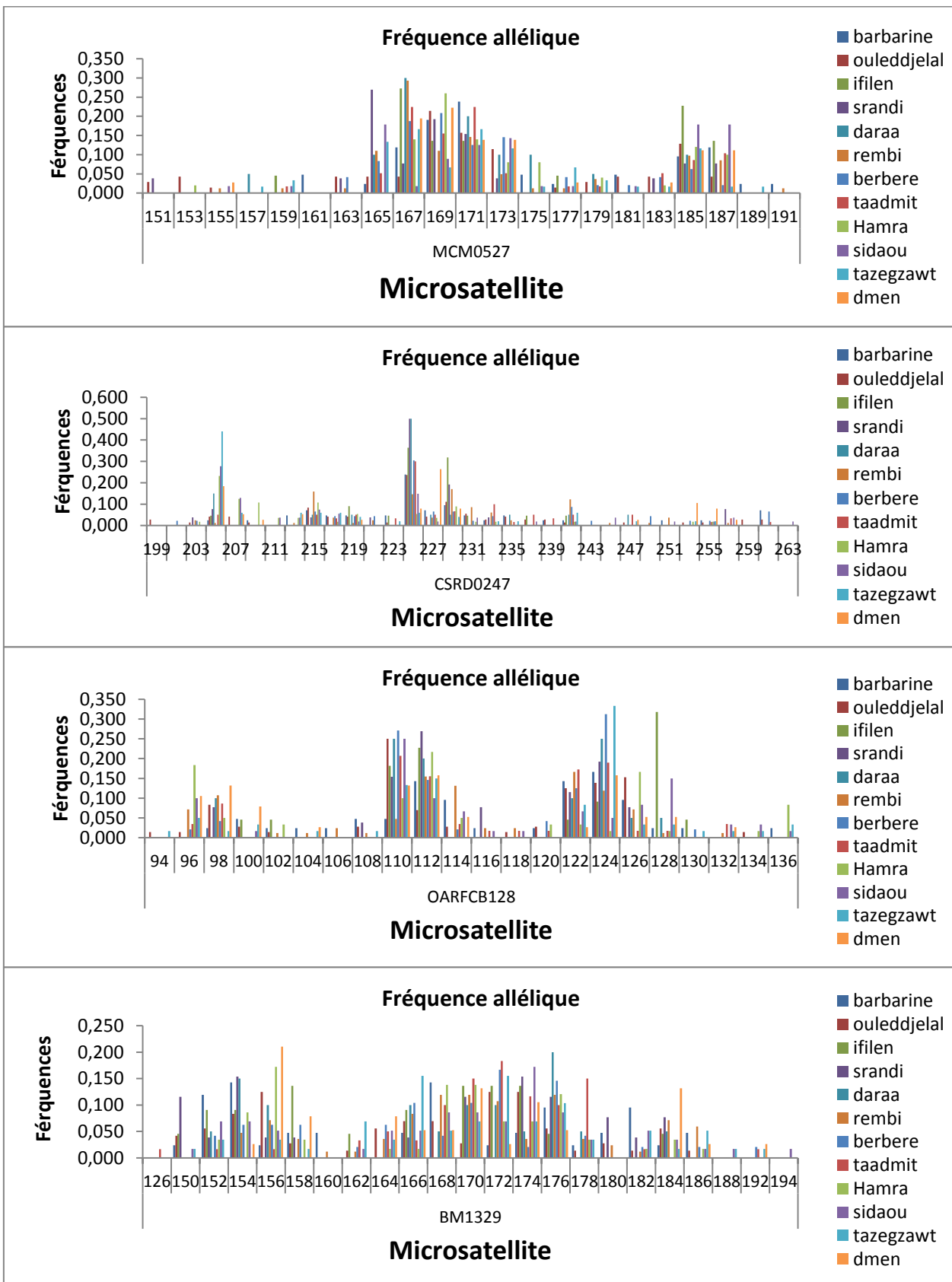
**Annexe 4.** Déséquilibre d'association à l'échelle des 12 populations ovines étudiées

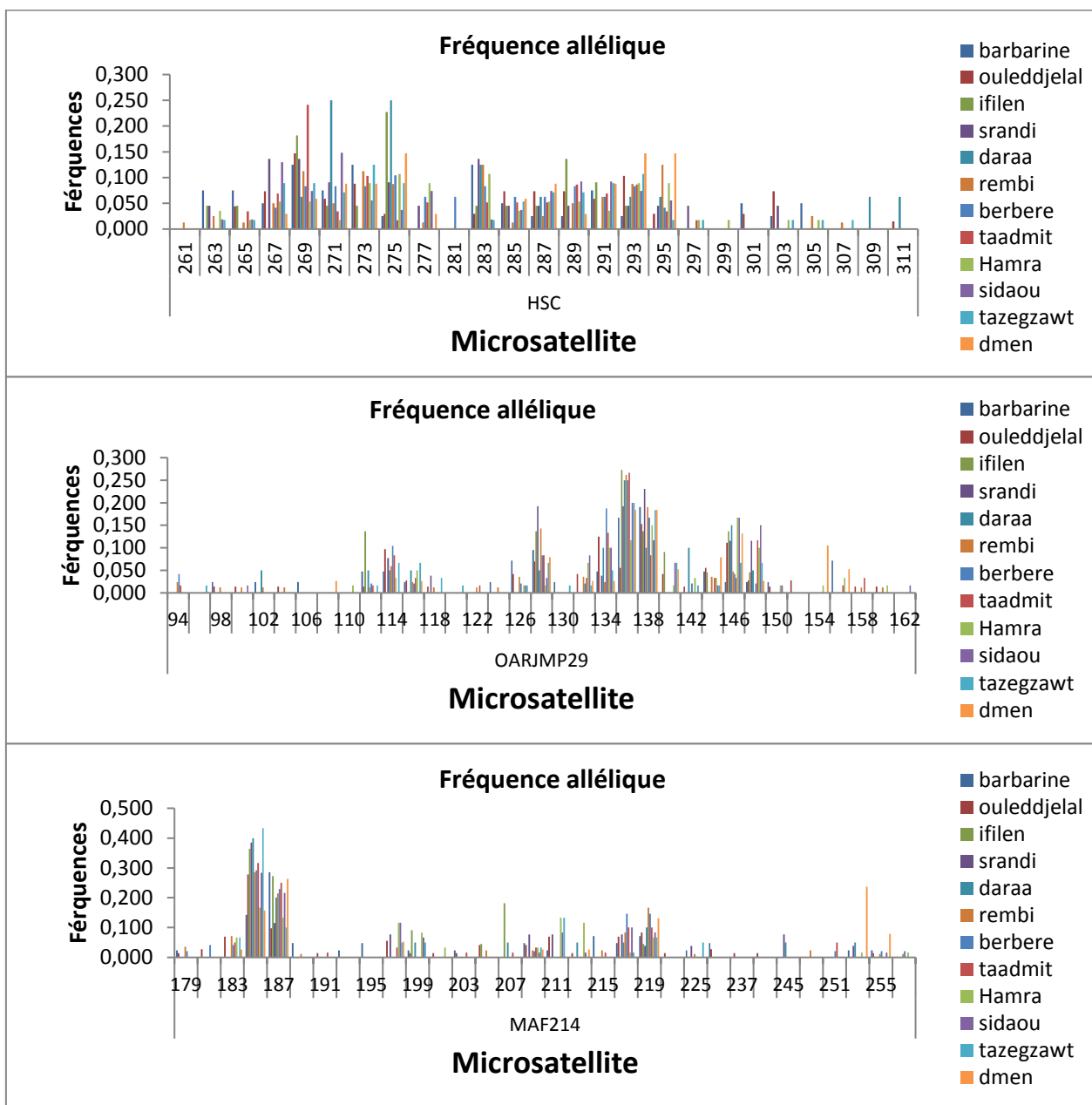
	<b>Population</b>	<b>Paire de locus</b>	<b>P-Value</b>	<b>S,E,</b>
1	Barbarine	CSRD0247-MAF214	0,0130	0,0079
2	Barbarine	BM8125-OARJMP29	0,0157	0,0080
3	Barbarine	OARCP34-BM1818	0,0230	0,0050
4	Berbère	OARFCB19-BM1329	0,0204	0,0077
5	Berbère	OARFCB19-D5S2	0,0250	0,0081
6	Berbère	HSC-MAF214	0,0340	0,0076
7	Berbère	INRA0123-MAF214	0,0425	0,0121
8	D'men	INRA0123-D5S2	0,0069	0,0057
9	D'men	MCM0527-MAF214	0,0113	0,0063
10	Hamra	OARFCB19-OARCP34	0,0017	0,0015
11	Hamra	CSRD0247-OARJMP29	0,0019	0,0013
12	Hamra	OARFCB19-MAF214	0,0022	0,0017
13	Hamra	OARFCB19-OARJMP29	0,0050	0,0030
14	Hamra	OARCP34-OARJMP29	0,0050	0,0040
15	Hamra	OARFCB30-INRA0123	0,0074	0,0038
16	Hamra	OARFCB30-OARJMP29	0,0087	0,0049
17	Hamra	OARFCB30-MAF214	0,0097	0,0051
18	Hamra	INRA0123-OARFCB12	0,0120	0,0050
19	Hamra	D5S2-OARFCB12	0,0129	0,0056
20	Hamra	OARFCB12-OARJMP29	0,0195	0,0106
21	Hamra	OARFCB19-D5S2	0,0453	0,0084
22	Hamra	INRA0132-BM1818	0,0462	0,0192
23	Hamra	INRA0132-D5S2	0,0486	0,0086
24	Ouled Djellal	BM1818-MAF214	0,0080	0,0042
25	Ouled Djellal	OARFCB30-INRA0132	0,0116	0,0101
26	Ouled Djellal	D5S2-OARFCB12	0,0182	0,0089
27	Ouled Djellal	CSRD0247-OARFCB12	0,0258	0,0138
28	Ouled Djellal	OARFCB19-MCM0527	0,0276	0,0119
29	Ouled Djellal	OARFCB30-OARFCB12	0,0368	0,0131
30	Ouled Djellal	D5S2-MCM0527	0,0417	0,0153
31	Rembi	BM8125-OARJMP29	0,0078	0,0045
32	Rembi	OARFCB19-MAF214	0,0078	0,0051
33	Rembi	D5S2-OARJMP29	0,0122	0,0063
34	Sidaoun	OARFCB12-MAF214	0,0032	0,0025
35	Sidaoun	MCM0527-MAF214	0,0110	0,0062
36	Sidaoun	MCM0527-OARFCB12	0,0287	0,0087
37	Taâdmit	OARFCB19-OARFCB30	0,0086	0,0052
38	Taâdmit	INRA0123-D5S2	0,0133	0,0071
39	Taâdmit	OARCP34-OARJMP29	0,0298	0,0102
40	Taâdmit	BM1818-HSC	0,0497	0,0194
41	Tazegzawt	OARFCB19-OARFCB30	0,0023	0,0023
42	Tazegzawt	INRA0123-MAF214	0,0212	0,0065
43	Tazegzawt	OARFCB19-OARCP34	0,0269	0,0090
44	Tazegzawt	MCM0527-OARFCB12	0,0350	0,0142
45	Tazegzawt	INRA0132-BM8125	0,0478	0,0179

Annexe 5. Distribution des fréquences alléliques par population et par locus.










## Annexe 6. Affectation de tous animaux sauf les animaux qui sont 100 % affectés à leur race exacte.

Échantillon assigné	Rang 1	Score %	Rang 2	Score %	Rang 3	Score %	Rang 4	Score %	Rang 5	Score %	Rang 6	Score %	Rang 7	Score %
BB	BB	99,999	RB	0,001										
BB	BB	99,999	RB	0,001										
BB	BB	99,988	RB	0,006	TG	0,005	IL	0,001						
BB	BB	99,999	RB	0,001										
BB	BB	99,99	RB	0,009	SD	0,001								
BB	BB	99,999	RB	0,001										
BB	BB	99,522	RB	0,478										
OJ	OJ	99,995	RB	0,005										
OJ	OJ	99,961	HR	0,039										
OJ	OJ	99,995	RB	0,005										
OJ	OJ	99,000	BB	0,721	RB	0,146	BR	0,126	SR	0,005	TD	0,001		
OJ	OJ	99,999	SD	0,001										
OJ	OJ	99,987	BR	0,013										
OJ	OJ	99,822	BR	0,176	TG	0,002								
OJ	OJ	95,753	BR	4,219	SR	0,014	RB	0,012	DM	0,001				
OJ	OJ	99,998	RB	0,002										
OJ	OJ	99,975	RB	0,025										
OJ	OJ	99,95	HR	0,050										
OJ	OJ	99,998	SR	0,002										
OJ	OJ	99,999	HR	0,000										
OJ	OJ	84,128	SR	15,78	RB	0,045	SD	0,034	DR	0,008	BR	0,003	TD	0,002
OJ	OJ	99,817	DM	0,168	BR	0,015								
OJ	OJ	99,846	TD	0,153	TG	0,001								
OJ	OJ	95,33	DM	3,505	BR	1,164								
OJ	OJ	99,994	SD	0,005	HR	0,001								
IL	IL	99,999	OJ	0,001										
IL	IL	99,998	SR	0,002										
IL	IL	99,995	TG	0,005										
IL	IL	99,95	RB	0,050	BR	0,001								
SR	SR	99,953	RB	0,047										
SR	SR	99,999	RB	0,001										
SR	SR	99,974	IL	0,024	OJ	0,002								
SR	SR	99,999	DR	0,001										
DR	DR	99,997	RB	0,002										
DR	DR	99,999	SR	0,001										
DR	DR	99,998	HR	0,002										
RB	RB	99,987	OJ	0,013										
RB	RB	99,999	BR	0,001										
RB	RB	99,983	BB	0,013	SD	0,004	BR	0,001						
RB	HR	51,635	RB	48,364	DM	0,001								
RB	RB	99,904	BR	0,077	BB	0,015	OJ	0,005						
RB	RB	99,974	DR	0,01	OJ	0,009	SR	0,007						
RB	RB	99,911	SR	0,086	DR	0,002								
RB	RB	99,998	SR	0,001	TD	0,001								
RB	RB	99,796	TD	0,165	BR	0,035	TG	0,002	OJ	0,002				
RB	RB	99,934	TG	0,039	OJ	0,026								
RB	RB	99,969	BR	0,029	BB	0,003								
RB	RB	91,939	BR	8,032	BB	0,019	TD	0,005	SR	0,003	OJ	0,001		
RB	RB	98,333	TD	1,666										
RB	RB	99,999	TD	0,001										
RB	RB	99,592	BR	0,268	SR	0,138	SD	0,003						
RB	RB	99,996	BR	0,004										
RB	RB	99,995	OJ	0,005										
RB	RB	99,993	BR	0,006	OJ	0,001	BB	0,001						
RB	RB	99,872	BR	0,128										
RB	RB	99,996	IL	0,004										
RB	RB	99,996	TD	0,003										
RB	RB	99,996	BR	0,003										
RB	RB	99,998	SD	0,002										
RB	TD	58,25	RB	41,427	BR	0,321	IL	0,002						
RB	RB	79,7	OJ	20,272	TD	0,027	TG	0,001						
RB	BR	75,997	RB	24	TD	0,002								
RB	RB	99,999	TG	0,001										
BR	BR	99,998	SD	0,002										
BR	BR	99,999	RB	0,001										
BR	BR	98,05	TD	1,922	TG	0,021	RB	0,006	OJ	0,001	IL	0		
BR	RB	95,098	BR	3,888	DR	0,57	TD	0,299	OJ	0,143	HR	0,001		
BR	BR	99,993	RB	0,005	OJ	0,001	TG	0,001						
BR	BR	99,102	RB	0,87	TD	0,027								




BR	BR	99,975	SR	0,015	RB	0,009	OJ	0,002				
BR	BR	99,999										
BR	BR	99,973	OJ	0,016	BB	0,007	RB	0,004				
BR	BR	99,999	TD	0,001								
BR	BR	99,976	RB	0,018	TD	0,006						
BR	BR	80,528	RB	19,469	OJ	0,003						
BR	BR	95,994	RB	3,999	TG	0,005	DR	0,002	TD	0,001		
BR	SR	91,125	BR	8,875								
BR	BR	99,994	TG	0,005								
BR	BR	99,996	TD	0,004								
TD	TD	99,899	DR	0,101								
TD	TD	91,073	RB	8,927								
TD	TD	51,987	BR	47,842	SR	0,167	SD	0,003	OJ	0,002		
TD	TD	99,998	BR	0,002								
TD	TD	99,977	RB	0,02	BR	0,002	DR	0,001	TG	0,001		
TD	TD	99,998	BR	0,002								
TD	TD	99,993	BR	0,007								
TD	TD	99,997	SD	0,001	BB	0,001						
TD	TD	99,9	RB	0,083	BR	0,016						
TD	TD	99,667	RB	0,252	BR	0,075	SD	0,006				
TD	RB	64,184	TD	22,927	BR	12,87	OJ	0,019				
TD	TD	99,634	BR	0,366								
TD	TD	99,726	RB	0,273	BR	0,001						
TD	TD	99,999	RB	0,001								
TD	TD	99,728	OJ	0,237	RB	0,033	BR	0,002				
TD	TD	99,999	BR	0,001								
TD	BR	62,635	TD	37,276	RB	0,089						
HR	HR	99,059	OJ	0,938	RB	0,003	DM	0,001				
HR	HR	96,745	OJ	2,638	RB	0,48	BR	0,116	DR	0,02		
HR	HR	96,101	SD	2,228	BR	1,564	OJ	0,106	BB	0,001		
HR	HR	98,812	BB	0,852	RB	0,258	TG	0,054	SD	0,022	DM	0,001
HR	HR	99,988	DM	0,012	OJ	0	RB	0				
HR	HR	98,513	TG	1,477	DM	0,006	SD	0,005				
HR	HR	99,701	SD	0,285	TG	0,01	DM	0,004				
HR	HR	99,999	SD	0,001								
HR	HR	99,994	TG	0,006								
HR	HR	99,997	SD	0,003								
HR	HR	99,996	SD	0,004								
HR	HR	99,999	SD	0,001								
HR	HR	99,796	SD	0,204								
HR	HR	99,999	SD	0,001								
SD	SD	99,999	TG	0,001								
SD	SD	99,972	DM	0,028								
SD	SD	64,208	TG	35,791	IL	0,001						
SD	SD	99,999	HR	0,001								
SD	SD	99,996	HR	0,004								
SD	SD	97,776	TG	2,185	OJ	0,031	BR	0,008				
SD	SD	99,991	OJ	0,006	BB	0,002	RB	0,001				
SD	SD	99,967	TG	0,033								
SD	SD	99,948	HR	0,05	TG	0,002						
SD	SD	99,987	TD	0,013								
SD	SD	99,999	DM	0,001								
TG	SD	88,765	TG	11,228	HR	0,007						
TG	TG	97,363	OJ	1,492	BR	1,144	HR	0,001				
TG	TG	99,893	RB	0,104	SD	0,003						
TG	TG	99,973	SD	0,027								
TG	TG	99,997	TD	0,002	BR	0,001						
TG	TG	99,97	SR	0,03								
TG	TG	99,999	BR	0,001								
TG	TG	99,999	BR	0,001								
TG	TG	65,629	TD	33,053	SD	0,656	BR	0,369	RB	0,204	OJ	0,089
TG	TG	99,999	HR	0,001								
TG	TG	99,994	HR	0,006								
TG	TG	99,921	RB	0,068	OJ	0,008	SR	0,002				
TG	TG	99,992	BR	0,006	OJ	0,001						
TG	TG	99,926	RB	0,055	BR	0,013	DM	0,006				
DM	DM	99,636	HR	0,364								
DM	DM	99,995	TG	0,003	HR	0,002						
DM	DM	99,999	HR	0,001								
DM	DM	89,845	DM	10,155	HR	0,001						
DM	DM	99,994	OJ	0,005								
DM	DM	99,999										

## Annexe 7. Articles publiés



**Italian Journal of Animal Science**



Taylor & Francis  
Taylor & Francis Group

---

ISSN: (Print) 1828-051X (Online) Journal homepage: <http://www.tandfonline.com/loi/tjas20>


---

## New genetic identification and characterisation of 12 Algerian sheep breeds by microsatellite markers


**Ameur Ameur Abdelkader , Nezih Ata, Mohammed Tahar Benyoucef, Amel Djaout, Noureddine Azzi, Onur Yilmaz, İbrahim Cemal & Semir Bechir Suheil Gaouar**

To cite this article: Ameur Ameur Abdelkader , Nezih Ata, Mohammed Tahar Benyoucef, Amel Djaout, Noureddine Azzi, Onur Yilmaz, İbrahim Cemal & Semir Bechir Suheil Gaouar (2017): New genetic identification and characterisation of 12 Algerian sheep breeds by microsatellite markers, Italian Journal of Animal Science, DOI: [10.1080/1828051X.2017.1335182](https://doi.org/10.1080/1828051X.2017.1335182)



To link to this article: <http://dx.doi.org/10.1080/1828051X.2017.1335182>

 © 2017 The Author(s). Published by Informa UK Limited, trading as Taylor & Francis Group.


---

 Published online: 07 Jun 2017.



---

 [Submit your article to this journal](#) 



---

 Article views: 31

---

 [View related articles](#) 

---

 [View Crossmark data](#) 

Full Terms & Conditions of access and use can be found at  
<http://www.tandfonline.com/action/journalInformation?journalCode=tjas20>

Download by: [41.102.81.220]

Date: 09 June 2017, At: 06:54

## Milk protein polymorphism study in the Algerian sheep breed Hamra



IABC  
International  
TUNISIA 2015

A. AMEUR AMEUR<sup>1,2\*</sup>, MT. BENYOUCEF<sup>3</sup>,  
M. AMRANI<sup>4</sup>, SBS. GAOUAR<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Department of agronomical sciences, University of Bouira (UAMO), Algeria

<sup>2</sup> National Superior School of Agronomy, (ENSA - ES1603), Algeria

<sup>3</sup> Department of Biology, University of Tlemcen, Algeria

<sup>4</sup> Laboratory of Biology of Microorganisms and Biotechnology, University of Oran, Algeria

\* Auteur correspondant: ameurbdelkader@gmail.com

**Abstract** - In sheep, the polymorphism of major milk proteins is reduced as compared with other ruminant species, like cattle and goats. As in other ruminant species, in sheep these polymorphisms were studied relative to milk quantity, quality and its manufacturing properties or for authenticity identification of dairy products. In Algeria, data concerning the characterization of the sheep breeds in the six loci codifying for major milk proteins genes are almost absent. The purpose of our study was to determine milk protein polymorphism in local sheep breed, using 30 samples of milk from local sheep breeds Hamra. Our work consisted in the isolation and characterization of milk proteins. For this, we used the precipitation of caseins pHi (pH 4.6). After extraction, purification and assay, both casein and serum protein fractions were then assayed by the Bradford method and separated by SDS-PAGE. Milk protein variants were determined by the molecular weight in gel using a molecular weight proteins ranging from 10 to 250 kDa. The electrophoretic pattern of milk samples showed the presence of four major caseins variants ( $\alpha$ s1-,  $\alpha$ s2-  $\beta$ - and k-casein) and two whey proteins ( $\beta$ -lactoglobulin,  $\alpha$ -lactalbumin). Our study on percentage analysis of protein fractions of interest revealed that caseins represented 79.16% of the total protein of sheep milk, followed by whey proteins with 20.43%. According to the standards, the total ovine milk proteins showed a molecular weights, which are respectively (33, 32, 28 and 27 kDa) for caseins fraction and The  $\beta$ -lg,  $\alpha$ -la fractions were determined to be around 19 and 15 kDa respectively. Further studies (Real Time qPCR) are requisite for certitude of the results on the polymorphic genes of proteins from sheep milk, in order to identify the genetic variants from the locus of each protein.

**Keywords:** Caseins, Hamra, Protein Polymorphism, Sheep milk, SDS-PAGE

### 1. Introduction

There is a particular worldwide interest for the conservation and breeding of the local breeds of animals due to their superior biological traits. The high efficiency of local sheep production for example is given by their superior traits – rusticity, resistance and the capacity to acclimatize to different environmental conditions, their better productive potential in relation to the level of improvement and technology of rearing and exploitation (Carta et al. 2009). Being increasingly aware of the benefits offered (meat and milk production with special nutritional qualities) the government, organizations and associations of state and private breeders and specialists in animal husbandry have created programs to study, to conserve and ameliorate these breeds. Hamra race, known as Beni Ighil is indigenous to North specifically the Moroccan High Atlas Africa where she was raised by the Beni-Ighil tribe from which it derives its name. This sheep characterized by its small size with a dark brown head and legs tending towards red. She has some ability in particular its strength, but now in sharp decline because of his non-preferred height for race Ouled Djellal (Chellig 1992). Despite the limited genetic knowledge on milk protein variability in sheep, interesting relationships between genetic milk

