

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE

وزارة التعليم العالي و البحث العلمي
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

المدرسة الوطنية العليا للفلاحة الحراش - الجزائر
ECOLE NATIONALE SUPERIEURE AGRONOMIQUE (ENSA) EL HARRACH - ALGER



THESE PRESENTEE EN VUE DE L'OBTENTION
DU DIPLOME DE DOCTORAT EN SCIENCES AGRONOMIQUES

THEME



Par *HAREK Derradji*

Soutenue publiquement devant le jury composé de :

Mr BENYOUCEF	Mohamed Tahar	Président	Professeur ENSA
Mr IKHLEF	Hacène	Directeur de Thèse	Professeur ENSA
Mr BOUHADAD	Rachid	Co-directeur	Professeur FSB-USTHB
Mr GHOZLANE	Faissal	Examineur	Professeur ENSA
Mr ADAMOU	Abdel kader	Examineur	Professeur U. Ouargla
Mr ARBOUCHE	Fodil	Examineur	Professeur U. Adrar

RESUME :

Dans le cadre de la gestion durable des ressources génétiques animales, une caractérisation de la diversité génétique (morphométrique et moléculaire) de la population cameline «Tergui» représentée par les phénotypes (Abahou, Amelal, Alemlagh, Atelagh, Azerghaf) a été entreprise suite à des enquêtes et des prospections dans la zone du Hoggar (W. de Tamanrasset), sur un ensemble de 520 individus dans 11 localités permettant de définir et caractériser avec plus de précision ce patrimoine national longtemps marginalisé, dans le but d'estimer la variabilité inter et intra-population. Les résultats sur le plan morphologique nous renseignent amplement sur la structuration et démontre un polymorphisme important de populations cameline «Tergui». Par contre, les résultats de génotypage de l'ADN avec 20 marqueurs microsatellites ont permis de mettre en évidence une variabilité génétique intra-population caractérisée par un taux élevé d'hétérozygotie (Hnb) et d'allèles efficaces. Le taux d'hétérozygotie chez nos phénotypes variait de 0,56 à 0,63, ce qui est supérieur à celui observé chez des populations étrangères (0,537 à 0,629). Un nombre total de 169 allèles de 20 loci microsatellites ont été détectés. Le nombre moyen d'allèles par locus étaient 7,15, 6,15, 3,10, 4,45 et 3,25 pour Abahou, Amelal, Alemlagh, Atelagh et Azerghaf, respectivement. Les résultats de l'évaluation des loci ont montré des valeurs PIC plus élevés supérieures à 0,5 qui sont considéré comme très instructifs. Les valeurs d'hétérozygoties observées pour l'ensemble des loci analysés étaient plus faibles que prévu, ce qui pourrait être attribué à la consanguinité au sein de la population ou par subdivision de la population étudiée en races et phénotypes bien distincts. Par ailleurs, Le nombre d'allèles observés est plus élevé ont montré une fréquence qui dépasse 7,3 %. Les valeurs de différenciation génétique entre les cinq phénotypes analysés étaient beaucoup plus faibles et le niveau des différences expliquent 1,1% de la variation génétique totale. Toutes les loci contribué à cette différenciation avec les valeurs de FST étant modérément faible et similaire mais très significative ($P < 0,001$). La valeur globale FST était similaire mais légèrement plus élevé que celui de 0,9 %. Par contre la similitude génétique entre les morphotypes et les méthodes de classification (AFC et DACP) pour évaluer les relations génétiques ont donnée des résultats similaires aux caractéristiques phénotypiques ont montré qu'ils semblent être génétiquement très semblables et soutenir la décision de les considérer peu différenciés.

Les retombés de ce travail pouvant être considérés comme des éléments scientifiques et une ébauche de ce qui serait un modèle pour une caractérisation génétique de notre cheptel camelin sur lesquels les processus d'identification, de sélection et de conservation de ce patrimoine ancestral dans l'un de ses principaux pays du berceau, pourra s'appuyer, ainsi par la mise en place d'une stratégie de conservation et de préservation de nos ressources génétiques camelines dans les milieux à aptitude marginale surtout, les races locales qui jouent un rôle décisif pour le maintien durable des systèmes de production ruraux dans la mesure où elles fournissent un large éventail de produits tout en étant relativement peu exigeantes en production.

Mots clés : *Dromadaire - Caractérisation génétique- Morphologie - microsatellite – SSR – Camelus dromedarius - Tamanrasset.*

SUMMARY:

In the framework of the sustainable management of animal genetic resources, a characterization of the genetic diversity (morphometric and molecular) of the camel population "Tergui" represented by the phenotypes (Abahou, Amelal, Alemlagh, Atelagh, Azerghaf) Surveys and surveys in the Hoggar area (Tamanrasset) about a total of 520 individuals from 11 localities to define and characterize this national length-marginalized heritage more precisely in order to estimate the inter-variability And intra-population. The results from a morphological point of view, give full information about the structure and demonstrate an important polymorphism camel populations "Tergui". On the other hand, the results of genotyping of the DNA with 20 microsatellite markers made it possible to demonstrate inter and intra-population genetic variability characterized by a high rate of heterozygosity (Hnb) and effective alleles. The rate of heterozygosity in our phenotypes varied from 0.56 to 0.63, which is higher than that observed in foreign populations ranging from 0.537 to 0.629. A total of 169 alleles of 20 microsatellite loci were detected. The mean number of alleles per locus was 7,15, 6,15, 3,10, 4,45 and 3,25 for Abahou, Amelal, Alemlagh, Atelagh and Azerghaf, respectively. The results of the loci evaluation showed higher PIC values greater than 0.5 which are considered very instructive. The heterozygous values observed for all the loci analyzed were lower than expected, which could be attributed to inbreeding in the population or by subdivision of the studied population into distinct breeds and phenotypes. On the other hand, the number of observed alleles is higher have shown a frequency that exceeds 7.3%. The genetic differentiation values between the phenotypes analyzed were much lower and the level of differences accounted for 1.1 % of the total genetic variation. All loci contributed to this differentiation with FST values being moderately low and similar but very significant ($P < 0.001$). The overall FST value was similar but slightly higher than that of 0.9%. On the other hand, the genetic similarity between the phenotypes and the classification methods (AFC and DACP) to evaluate the genetic relationships gave results similar to the phenotypic characteristics showed that they appear to be genetically very similar and support the decision to consider them little differentiated.

The results of this work can be considered as scientific elements and a draft of what would be a model for a genetic characterization of the camels herd on which the processes of identification, selection and conservation of this ancestral heritage in one Of its main countries of the cradle, will be able to rely, by setting up a strategy of conservation and preservation of our genetic camel resources in environments with marginal abilities especially, the local races which play a decisive role for the rural Sustainability of production systems to the extent that they provide a wide range of products and are relatively low in production.

Keywords : *Dromedary - Genetic characterization - Morphometric - Genetic variability - microsatellite - SSR - Camelus dromedarius - Tamanrasset.*

ملخص:

في إطار تسيير المستدام للموارد الوراثية الحيوانية خاص بالجمال، تم المباشرة في العمل وإستطلاع حول تصنيف التنوع الجيني (المظهرالخارجي والجزئي) لقطعان الجمل "ترقي" الممثل بالمظهر الخارجي (أباحو، أملال، الملاغ، أتلاخ، أزغاف) بمنطقة الهقار (ولاية تمنراست)، وشملت هذه العملية على مجموعة 520 رأس من 11 منطقة محلية قصد تحديد وتوصيف بصفة مدققة هذا المصدر الحيواني الوطني المهمش منذ مدة طويلة وكذا تقدير التنوع داخل القطيع وبين القطعان .

بينت النتائج على المستوى المظهر الخارجي تشكل واضح بظهور تنوع بارز في قطعان الجمل "ترقي"، أما تلك الناتجة من النمط الوراثي للأحماس النووية (ADN) بإستعمال 20 الواسمات الوراثية أظهرت عن وجود تنوع جيني بارز لعينات مأخوذة داخل القطعان مع ارتفاع معدل تغاير (Hnb) والأليلات الفعالة. حيث معدلات تغاير تتراوح من 0.56 إلى 0.63 أعلى من تلك التي لوحظت في عدد القطعان الأجنبية التي يختلف عنه من 0.537 إلى 0.629. وتم كشف عدد إجمالي لـ 169 أليلات من 20 واسمات الوراثية، متوسط عدد موضع الأليلات على التوالي 7.15، 6.15، 3.10، 4.45، و 3.25 كل من أباحو، أملال، الملاغ، أتلاخ، أزغاف.

وأظهرت نتائج تقييم موضع الأليلات إرتفاع أكبر من 0.5، تشكل بذلك معلومة في غاية الأهمية. أما قيمة نسبة التغاير لمجمل موضع الأليلات الذي تم تحليله نسبتها ضعيفة وغير متوقعة، ربما راجع إرتباط الأقارب في وسط القطيع أوجزء من العينة المأخوذة على مستوى السلالة والمظهر الخارجي، ومن جهة أخرى ملاحظة إرتفاع عدد الأليلات حيث نسبة التواتر تجاوزت 7.3%.

وبينت تحليل قيمة التنوع الوراثي بين مختلف مظاهر الخارجية نسبة ضعيفة، أين قدر مستوى الإختلاف بـ 1.1%. كما أن كل الأليلات التي ساهمت في إظهار هذا الإختلاف مع تحاليل FST نسبتها ضعيفة ومتقاربة لكنها بارزة ($P < 0,001$). حيث أظهرت تحاليل FST نسبة التقارب بإرتفاع طفيف فوق 0.9%. لكن المقارنة الوراثية بين المناطق وطرق التصنيف (AFC et DACP) لتقييم العلاقات الوراثية أعطت نتائج مماثلة خاص بالمظهر الخارجي، مما يبدو أنها متقاربة وراثيا ودعم القرار للنظر أنها غير متمايزة.

وسيكون مثابة هذا العمل عنصر علمي ونموذج لتحديد الخصائص الوراثية لقطعاننا، وتصبح بذلك عملية التعريف، الإختيار والحفاظ على هذا المكتسب الوراثي الحيواني منذ أجيال في بيئتها الطبيعية قاعدة بإمكانها وضع استراتيجية لحفاظ على الموارد الوراثية للجمال في المناطق المهمشة، خاصة السلالات المحلية التي تلعب دورا حاسما بالنسبة للحفاظ على أنظمة الإنتاج في الأرياف إلى حد أنها توفر مجموعة واسعة من المنتجات بمتطلبات بسيطة.

كلمات البحث : الجمل - خصائص وراثية - قياسات المظهرالخارجي - التنوع الوراثي - الحمض النووي - SSR - Camelus

dromedarius - تمنراست

A toutes les bonnes volontés,

A toutes les plumes,

A tous ceux qui veulent aider à porter haut l'étendard de l'Islam,

A la mémoire de mes très chers parents,

A ma très chère épouse,

A mes chers enfants,

A mes frères et sœurs,

A mes beaux frères et belles sœurs,

A mes amis.

*Pour avoir accepté de consentir un si lourd sacrifice à gérer moralement
mes travaux et mes absences pendant ces années.*

*A vous tous, toute ma gratitude et toute ma reconnaissance acquises
pour toujours.*

Ce travail n'aurait pas pu aboutir sans le soutien scientifique, technique et affectif de nos respectueux enseignants.

Tout d'abord, nous tenons à remercier sincèrement les membres du jury pour le temps précieux qu'ils ont accordé à la lecture de ce travail et à l'élaboration de leurs rapports:

Pr. BENYOUCEF Mohammed Tahar, Professeur à l'école Nationale supérieure d'agronomie d'El Harrach (ENSA), qui nous a fait l'honneur d'accepter la présidence de ce jury. Nous le remercions chaleureusement pour la très grande rigueur scientifique qu'il inspire, nous lui exprimons nos profondes et respectueuses gratitudee.

Cependant, cette thèse n'aurait pas été possible sans l'accord de **Pr. IKHLEF Hacène**, Professeur à l'école Nationale supérieure d'agronomie d'El Harrach (ex INA) qui a accepté spontanément de m'accueillir au niveau du département des productions animales et d'encadrer scientifiquement les travaux de la dite thèse. Il m'a guidé avec perspicacité, ses idées et ses remarques m'ont guidé dans l'apprentissage de la recherche. Nous lui adressons nos vifs remerciements et notre reconnaissance. Aussi un grand merci pour l'intérêt, les éclaircissements, les conseils scientifiques apportés et les encouragements qu'il nous a accordés. Vos compétences scientifiques ainsi que vos qualités humaines ont été des éléments précieux pour l'avancement de ce travail ; veuillez trouver ici le témoignage de toute notre reconnaissance.

Pr. BOUHADAD Rachid, Professeur au Laboratoire Biodiversité Environnement: Interaction Génome, Faculté des sciences des sciences biologiques, Université des Sciences Technologique H.B. Bab Ezzouar (USTHB), notre Co-encadreur qui nous a dirigé tout le long de ce travail. Nous sommes infiniment reconnaissant à vous pour l'accueil cordial que vous nous avez réservé ainsi que pour l'attention avec laquelle vous avez contribué à ce travail, la richesse de votre compétence, le soutien et les conseils que vous nous avez prodigués nous ont été d'une grande utilité pour l'aboutissement de ce travail et même au-delà.

Pr. GHOZLANE Faissal, professeur à l'école Nationale supérieure d'agronomie d'El Harrach (ENSA), pour m'avoir fait l'honneur de juger ce travail et pour le temps et l'intérêt qu'il a dédié à l'évaluation de ce travail. Qu'il soit assuré de l'expression de notre sincère gratitude.

Dr. ARBOUCHE Fodil, professeur, à l'Université d'Adrar, d'avoir accepté de juger ce travail et de participer au jury de thèse. Je le remercie aussi pour ses orientations et ses conseils. Soyez assuré de notre profonde reconnaissance et de notre considération respectueuse.

Dr ADAMOU Abdel kader, Professeur à l'Université Kasdi Merbah de Ouargla qui a accepté de faire partie du jury et qui a bien voulu réserver une part de son temps pour évaluer ce travail. Nous le remercions vivement pour nous avoir fait l'honneur de sa présence à cette soutenance.

Notre travail de recherche a nécessité plusieurs étapes, il a été particulièrement facilité par plusieurs personnes que je les remercie vivement. Je tiens à remercier également tous ceux qui ont contribué de près ou de loin à l'élaboration de ce travail.

Je citerai en particulier l'équipe du laboratoire de Génétique Moléculaire appliquée, Université des Sciences et de la Technologie d'Oran (Mohamed BOUDIAF), à leur tête le professeur Nadhira Saidi-Mehtar, Monsieur Cherifi Youcef Amine (PhD) et Madame Naima berber (PhD) pour m'avoir facilité la tâche pour l'extraction et la manipulation de l'ADN.

Mes remerciements vont aussi :

A **Ciani Elena** de Departement of Biosciences, Biotechnologies, Biopharmaceutics, University of Bari "Aldo Moro", Via Amendola 165/A 70126 Bari, ITALY, de nous avoir permis d'utiliser le séquenceur.

Aux cadres de la Direction des Services Agricoles de la wilaya de Tamanrasset ; Messieurs : **S. khelifa Chelihi, K. Delaa, M. Menad, A. Brihoum, A. Ghoulam, M. Benzaid, Dr N. Djellout** et surtout la famille **Kacemi** notamment **M'HAMED et Mustapha** pour avoir été mes guides lors de mes sorties sur le terrain dans la wilaya de Tamanrasset.

A Messieurs le Président de la Chambre d'Agriculture de la Wilaya de Tamanrasset Mr **Ba Ahmed ben Ahmed** et au SG Mr **H'Bireche M.** (que dieu l'accueille dans son vaste paradis), ainsi qu'à l'ensemble des éleveurs qui nous ont confiés leurs cheptels et autorisés de prélever du sang, et de mettre le questionnaire et la base de donnée à jour; nous les remercions pour l'accueil chaleureux qu'ils nous ont réservé lors de nos sorties sur terrain dans la région du Hoggar (Tamanrasset).

Tous mes remerciements à toute ma famille qui m'a soutenu durant cette période de sacrifice.

	Pages
INTRODUCTION	1
PREMIERE PARTIE : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE	4
CHAPITRE I : GENERALITES SUR LES CAMELIDES	4
1- Place des camélidés dans le règne animal	4
1.1- Systématique	4
1.2- Taxonomie	4
1.3- Classification	7
2- Distribution et origine des camelins	7
2.1- Distribution géographique	7
2.2- Origine des camelins	7
2.3- Phénomène de domestication des camelins	10
2.4- Situation et dispersion du dromadaire dans le monde	10
2.4.1- Aires de distribution	10
2.4.2- Répartition géographique des dromadaires	11
2.4.3- Evolution des effectifs des dromadaires	12
2.4.4- Densité des dromadaires	12
2.4.4.1- Densité très faible	12
2.4.4.2- Densité faible	12
2.4.4.3- Densité moyenne	13
2.4.4.4- Densité forte	13
2.5- Le dromadaire dans Le monde arabe	14
2.6- Le dromadaire en Algérie	15
2.6.1- Evolution de l'effectif	15
2.6.2- Répartition du cheptel	16
3- Les races et les caractères phénotypiques du dromadaire	19
3. 1- Les races camelines	19
3. 1.1- Classification générale	19
3. 2- Les différentes races nominales en Algérie	21
3. 3- Les caractères phénotypiques du dromadaire	22
3. 4- Morphologie du dromadaire	24
3. 4.1- Morphologie générale	24
3. 4.2- Couleurs de la robe	24
3. 4.3- Dénomination socio-géographique	26
CHAPITRE II : IMPORTANCE DE L'ELEVAGE CAMELIN ET SYSTEMES DE PRODUCTION	28
1- Importance socio-économique du dromadaire	29
1.1- Valeur socio-économique	29
1.2- Importance économique et alimentaire	30
1.3- Importance écologique du dromadaire	30
1.4- Importance agricole	31
1.5- Importance médicale	31
2 - Systèmes d'élevage camelins.....	31
2.1- Systèmes migratoires	32
2.1.1- Nomadisme	33
2.1.2- Transhumance	33
2.1.3- Systèmes sédentaires	33

3- Performances et traits des troupeaux	34
3.1- Performances reproductives	35
3.2- Performances laitières	35
3.3- Croissance et production de viande	37
3.4- La production d'Ouber	38
3.5- Performance sportive	38
CHAPITRE III. BIODIVERSITE ET RESSOURCES ZOOGENETIQUE	40
1- Importance de la biodiversité des animaux d'élevage	40
2- Origine de la diversité génétique	41
2.1- Polymorphisme génétique	41
2.2- Forces évolutives	42
2.2.1- Dérive génétique	42
2.2.2- Migration	42
2.2.3- Sélection naturelle	42
3- Méthodes de caractérisation des animaux d'élevage	43
3.1- Méthode morphobiométrique	43
3.2- Méthode immunogénétique ou biochimique	43
3.2.1- Groupes sanguins	43
3.2.2- Protéines	44
3.3- Méthodes moléculaires	44
3.3.1- Marqueurs de l'ADN mitochondrial.....	44
3.3.2- Marqueurs RFLP	45
3.3.3- Marqueurs RAPD	45
3.3.4- Marqueurs AFLP.....	45
3.3.5- Marqueurs microsatellites.....	46
3.3.6- Marqueurs SNP.....	48
4- Situation mondiale de la biodiversité.....	48
5- Conservation de la biodiversité animale.....	49
5.1- Programmes de conservation des ressources génétiques animales.....	49
6- Causes de la perte de biodiversité	52
6.1- Surexploitation	53
6.2- Contrôle des espèces.....	53
7- Elevage et biodiversité	53
8- Sélection chez le dromadaire.....	55
9- Etat des ressources génétiques camelines dans le monde.....	56
9.1- Types de grande taille.....	57
9.2- Types de taille moyenne.....	57
9.3- Types de petite taille.....	58
10- Etat des ressources génétiques camelines en Algérie	58
11- Classification des dromadaires selon la vocation.....	58
11.1- Dromadaires à vocation viande.....	60
11.2- Dromadaire à vocation lait.....	60
11.3- Dromadaires à vocation mixte.....	61
11.4- Dromadaire de course.....	61

DEUXIEME PARTIE : PARTIE EXPERIMENTALE	62
CHAPITRE I MATERIEL ET METHODES :	62
1- Objectifs	62
2- Méthodologie mise en œuvre	62
2.1- Présentation et choix de la zone d'étude.....	62
2.2- Les enquêtes.....	63
2.3- Stratégie et principe d'échantillonnage.....	64
2.3.1- Identification des variables	64
2.3.1.1- Méthodologie	64
2.3.1.2- Identification des caractères étudiés	65
2.3.1.3- Choix des variables	66
2.3.1.4- Types de caractères	66
2.3.1.5- Les données de base du traitement des échantillons	67
3- Méthodes statistiques d'analyse morphologique	69
3.1- Analyse uni-variée des profils quantitatifs	70
3.2- Analyse uni-variée des profils qualitatifs	71
3.2.1- Description des profils qualitatifs.....	71
3.2.2- Analyse de la variance ANOVA	72
3.3- Analyse multi-variée	73
3.3.1- Analyse en composantes principales (ACP).....	73
3.3.2- Classification Ascendante Hiérarchique (CAH).....	74
4- Méthodes d'analyses moléculaires	75
4.1- Echantillonnage et extraction de l'ADN	75
4.2- Prélèvement du sang.....	76
4.3- Extraction de l'ADN par la technique STRATAGENE	78
4.3.1- Principe.....	78
4.3.2- Protocole expérimental d'extraction d'ADN.....	78
4.3.3- Dosage d'ADN	79
4.3.3.1- Dosage de L'ADN à l'aide d'un nanodrop (2000C thermoscientific).....	79
4.3.4- Test de qualité des produits d'extraction (sizing).....	79
4.3.4.1- Préparation du gel.....	79
4.3.4.2- Préparation d'échantillon et migration.....	80
4.3.4.3- Révélation	80
4.4- La polymérisation en chaîne(PCR).....	80
4.4.1- Principe.....	80
4.5- Le génotypage (Electrophorèse capillaire).....	83
4.5.1- Principe du génotypage.....	83
4.5.2- Préparation des échantillons	83
4.5.3- Choix des marqueurs microsatellites utilisés.....	83
4.5.4- Génotypage des microsatellites.....	86
5. Méthodes d'analyses statistiques.....	86
5.1- Logiciels utilisés.....	86
5.2- Principes des analyses faites en génétique des populations.....	86
5.2.1- Équilibre de Hardy Weinberg.....	86
5.2.2- Déséquilibre de liaison.....	87
5.3- Analyse de la diversité intra-population.....	88

5.3.1- Taux de polymorphisme des marqueurs microsatellites.....	88
5.3.2- Fréquences alléliques.....	88
5.3.3- Taux d'hétérozygotie.....	89
5.3.4- Nombre total d'allèles et richesse allélique.....	89
5.3.5- Indice de fixation.....	90
5.4- Analyse de la diversité inter-populations.....	90
5.4.1- Étude des liens génétiques inter populations.....	90
5.4.2- Paramètres de différenciation des populations.....	91
5.4.3- Flux génétique entre populations.....	91
5.4.4- Utilisation des distances génétiques et établissement des structures génétiques	92
5.4.5- Analyses factorielles des correspondances.....	93
5.4.6- Méthodes de clustering.....	93
5.4.7- Méthodes d'affectation des individus à une population.....	94
5.4.8- Test d'affectation individuel.....	94
5.4.9- Arbre individuel.....	94
CHAPITRE II: RESULTATS ET DISCUSSION	
1. Résultats d'analyse morphométriques	95
1.1. Analyse uni-variée.....	95
1.1.1. Statistique descriptive des caractères quantitatifs	95
1.1.2. Les distributions des caractères quantitatifs.....	100
1.1.2.1. Hauteur à la poitrine (HP)	101
1.1.2.2. Hauteur au garrot (HG)	102
1.1.2.3. Hauteur au genou (Hge)	103
1.1.2.4. Hauteur à la bosse (Hbo).....	104
1.1.2.5. Hauteur au bassin (Hba).....	105
1.1.2.6. Hauteur à la croupe (HCr)	106
1.1.2.7. Longueur du corps (LCp).....	107
1.1.2.8. Longueur du tronc (LTr).....	109
1.1.2.9. Longueur au bassin (Lba)	110
1.1.2.10. Longueur de la tête (Lte)	111
1.1.2.11. Longueur des oreilles (LO)	112
1.1.2.12. Longueur du cou (Lco)	113
1.1.2.13. Longueur de la queue (LQ)	114
1.1.2.14. Longueur de gigot (LGi)	115
1.1.2.15. Longueur à la charge (LCh)	116
1.1.2.16- Longueur au tranchanter (LTra)	117
1.1.2.17- Profondeur de la poitrine (PP).....	118
1.1.2.18- Tour à la bosse (Tbo)	119
1.1.2.19- Tour à la poitrine (TP)	120
1.1.2.20- Tour au sternum (TSt)	121
1.1.2.21- Tour au canon (TCa)	122
1.1.2.22- Tour au coussinet (Tcou).....	123
1.1.2.23- Tour de bas de ventre (TVB)	124
1.1.2.24- Distance entre les trayons (DT)	126
1.1.2.25- Distance diagonale entre les trayons (DDT)	127
1.1.2.26- Quantité du lait (QL/j)	128
1.1.2.27- Poids (Pds)	129
1.1.3- Variabilité des caractères qualitatifs	130

1.1.3.1. Couleur de la robe	130
1.1.4- Analyse multidimensionnelle	135
1.1.4.1- Analyse en Composantes Principales (ACP)	135
1.1.4.2- Classification Ascendante Hiérarchique (CAH).....	152
1.1.4.2.1- Etude de dissimilarité	152
2- Résultats d'analyse du génotypage des microsatellites.....	161
2.1- Equilibre de Hardy Weinberg.....	161
2.2- Déséquilibre de liaison	162
2.3- Variabilité génétique intra-population.....	163
2.3.1. Fréquences alléliques.....	163
2.3.2. Nombre total d'allèles et richesse allélique (AR)	165
2.3.3- Polymorphisme de loci microsatellites	165
2.3.4. Taux d'hétérozygoties.....	167
2.3.5- Indice de fixation (Fis)	168
2.4- La variabilité génétique inter-populations.....	169
2.4.1- Étude des liens génétiques entre populations	169
2.4.1.1- Paramètres de différenciation génétique des populations	169
2.4.1.2- Flux des gènes	172
2.4.1.3- Distances et structure génétique de la population.....	173
2.4.1.4- Analyse factorielle des correspondances (AFC).....	175
2.4.1.5- DACP et l'affectation des individus à leurs phénotypes	176
2.4.1.6- Méthodes de clustering.....	176
Discussion générale.....	178
CONCLUSION.....	181
REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES	
ANNEXES	

Abréviations	Désignation
%	Pourcentage
°C	Degré celcus.
µg	Micro gramme.
µl	Microlitre.
ACP	Analyse en composantes principales
ACSAD	The Arab Center for he Studies of Arid zones and Dry Lands
ADN	Acide Désoxyribonucléique.
ADNmt	Acide Désoxyribonucléique mitochondrial
AFC	Analyse factorielle des correspondances
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism
ANOVA	Analyse de la Variance
BET	Bromure d’Ethidium.
CAH	Classification Ascendante hiérarchique
CAW	Chambre d’Agriculture de Wilaya
CRED	Centre des études et des recherches sur le dromadaire en Libye.
CV	Coefficient de variation
dNTP	DésoxyNucleotideTri-Phosphate.
DSA	Direction des Services Agricoles
EC	Electrophorèse capillaire
ED	Eau distillée
EDTA	EthyleneDi-Amine Tétracétique.
EHW	l’équilibre d’Hardy-Weinberg
EST	Expressed Sequence Tag
FAO	Organisation des nations unies pour l’alimentation et l’agriculture
FNRDA	Fond national de la régulation et du développement agricole
GMQ	Gain Moyen Quotidien
g/j	Gramme par jour
MADRP	Ministère de l’agriculture développement rural et de la pêche
ng	Nano gramme.
ONS	Office national des statistiques
pb	Paire de bases nucléiques
PCR	Polymérase Chain Réaction.
PIB	Le produit intérieur brut
PIC	polymorphism information content
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA
RLFP	Restriction fragment length polymorphism
SLR	Solution de lyse des globules rouges
SNP	Polymorphismes de nucléotides uniques
STR	Short Tandem Repeats
SSR	Simple sequence repeats
Taq	Taq polymérase.
TBE	Tris-Borate-EDTA.
TE	Tris EDTA
TG	Microsatellites de type (TG)
UV	Ultra violé
M	Moyenne de la variable
Σ	Ecart type de la variable

Liste des Figures	Pages
Figure 1 : Systématique des camélidés (Musa, 1990; Faye, 1997)	5
Figure 2 : Espèces de la famille des camélidés.....	6
Figure 3 : Chronologie de la dispersion du dromadaire (<i>Cirad-Emvt, 1999</i>)	8
Figure 4 : Gravures Antiques au 7ème siècle av JC (Ninive).	9
Figure 5 : Gravures et peinture rupestre de l'Attakor (Hoggar) (Photo : André Laurenti).....	9
Figure 6 : Aire de distribution des camelins (Cirad-Emvt, 1999).....	11
Figure 7 : Evolution des effectifs camelins en Algérie 1961-2014	16
Figure 8 : Evolution des effectifs camelins dans la wilaya de Tamanrasset.....	17
Figure 9 : Localisation des aires de distribution du dromadaire en Algérie.....	18
Figure 10 : Répartition géographique des principales races de dromadaire en Afrique du Nord.	21
Figure 11 : Les différents types de morphologie du dromadaire.....	26
Figure 12 : Les différents ecotypes de la population "Tergui"	27
Figure 13 : Les différentes populations du chameau de la steppe et Reguibi	27
Figure 14 : Marqueurs de type mocosatellite (SSR)	47
Figure 15 : Marqueurs de type microsattelites SSR	48
Figure 16 : Informations nécessaires pour l'établissement des stratégies de gestion. (FAO, 2008)	51
Figure 17 : Nombre de races par espèce et par continent (ISAG-FAO/DAD-IS 2015)	57
Figure 18 : Localisation des principales races de dromadaires dans le monde	58
Figure 19 : Carte de Tamanrasset montrant les zones d'échantillonnage.....	63
Figure 20 : Schématisation des variables morphologiques utilisées chez le dromadaire «Camelus dromedarius».	69
a : Amelal Femelle (izerzi), b : Azerghaf Mâle (Tamanrasset), c : Atllagh mâle (izerzi),	77
Figure 21 : Les différentes races de dromadaires algériens dans la région du Hoggar	77
Figure 22 : Manipulation et extraction d'ADN	78
Figure 24 : Boîte à moustaches (Box Plots) des variables quantitatives de la population cameline «Tergui » dans la région du Hoggar.	98
Figure 26 : Quelques photos des phénotypes de la population camelines «Tergui» rencontrées dans la zone d'étude .	133
Figure 27 : Cercle de corrélation entre les caractères quantitatifs (cas global).....	139
Figure 28 : Diagramme d'ordination dérivé de l'ACP sur le plan de projection des axes 1-2 (cas global).....	140
Figure 29 : Cercle de corrélation entre les caractères quantitatifs cas « races »	141
Figure 30 : Diagramme d'ordination dérivé de l'ACP sur le plan de projection des axes 1-2 cas «races».	142
Figure 31 : Cercle de corrélation entre les caractères quantitatifs cas « <i>écotypes</i> »	145
Figure 32 : Diagramme d'ordination dérivé de l'ACP sur le plan de projection des axes 1-2 cas « <i>écotypes</i> »	146
Figure 33 :Cercle de corrélation pour les caractères quantitatifs sur le plan des Axes F1-F2 cas « <i>Localités</i> »	149

Figure 34 : Diagramme d'ordination dérivé de l'ACP sur le plan de projection des axes 1-2 cas «localités ».....	150
Figure 35 : Diagramme des niveaux pour les cas « races », « écotypes » et « localités »	152
Figure 36 : Dendrogramme de classification par dissimilarité (cas global).....	154
Figure 37 : Diagramme des profils des classes en relation avec les individus pour le cas formulé «global»	155
Figure 38 : Dendrogramme de classification par dissimilarité. Cas formulés par "races"	157
Figure 39 : Dendrogramme de classification par dissimilarité pour. Cas formulé par «écotypes»	158
Figure 40 : Dendrogramme de classification par dissimilarité. Cas formulé par «localités»	159
Figure 41 : Nombre d'allèles mis en évidence pour chaque marqueur microsatellite dans les cinq phénotypes étudiés.....	166
Figure 44 : Analyse factorielle des correspondances des loci 19 microsatellites analysés pour les cinq phénotypes de la population «Tergui».....	175
Figure 43 : Arbre neighbour-joining basé sur les distances génétiques de Nei par paire entre tous les individus estimés par le logarithme de la proportion d'allèles partagés.....	175
Figure 45 : Diagramme de dispersion de deux premières composantes principales de l'analyse discriminante d'analyse en composantes principales PVAD.....	176

Liste des Tableaux	Page
Tableau 1 : Surface, population humaine, population cameline et importance des camélins dans les pays d'Afrique, d'Asie et d'Europe	14
Tableau 2 : Répartition des populations camelines en Algérie (Aires de distribution).....	17
Tableau 3 : Les principales races camelines dans le monde (ACSAD 1990).....	20
Tableau 4 : Les principales "races" camelines existantes en Algérie	22
Tableau 5 : Les noms du dromadaire.....	23
Tableau 6 : Les différentes couleurs de la robe du dromadaire en Algérie	25
Tableau 7 : Etat de conservation et point de situation sur la biodiversité cameline en Algérie (<i>DAD-IS, 2015</i>)	59
Tableau 8 : Exemples de races camelines à viande	60
Tableau 9 : Exemples de races camelines laitières	61
Tableau 10 : Quelques races camelines mixtes	61
Tableau 11 : Désignation du matériel utilisé	65
Tableau 12 : Significations et codes utilisés pour les variables quantitatives et qualitatives.....	68
Tableau 13 : Phénotype des caractères à effet visible chez le dromadaire «Tergui».....	72
Tableau 14 : Répartition des échantillons explorés (nombre et sexe) dans la région du Hoggar	77
Tableau 15 : Caractéristique des microsatellites étudiés (multiplex).....	81
Tableau 16 : Caractéristiques des 20 amorces microsatellites.....	84
Tableau 17 : Liste et caractéristiques des logiciels bioinformatiques utilisés dans les analyses statistiques de l'étude	86
Tableau 18 : Statistiques descriptives des variables quantitatives de la population cameline «Tergui » dans la région du Hoggar	95
Tableau 19 : Analyse de la variance (Variable HP).....	100
Tableau 20 : Paramètres du modèle (Variable HP).....	100
Tableau 21 : Analyse de la variance (Variable HG)	101
Tableau 22 : Paramètres du modèle (Variable HG)	101
Tableau 23 : Analyse de la variance (Variable Hge)	102
Tableau 24 : Paramètres du modèle (Variable Hge)	103
Tableau 25 : Analyse de la variance (Variable Hbo).....	103
Tableau 26 : Paramètres du modèle (Variable Hbo).....	104
Tableau 27 : Analyse de la variance (Variable Hba).....	105
Tableau 28 : Paramètres du modèle (Variable Hba).....	105
Tableau 29 : Analyse de la variance (Variable HCr)	106
Tableau 30 : Paramètres du modèle (Variable HCr)	106
Tableau 31 : Analyse de la variance (Variable LCp)	107
Tableau 32 : Paramètres du modèle (Variable LCp)	107
Tableau 33 : Analyse de la variance (Variable LTr)	108
Tableau 34 : Paramètres du modèle (Variable LTr)	108
Tableau 35 : Analyse de la variance (Variable Lba).....	109

Tableau 36 : Paramètres du modèle (Variable Lba).....	109
Tableau 37 : Analyse de la variance (Variable Lte)	110
Tableau 38 : Paramètres du modèle (Variable Lte)	110
Tableau 39 : Analyse de la variance (Variable LO)	111
Tableau 40 : Paramètres du modèle (Variable LO).....	111
Tableau 41 : Analyse de la variance (Variable Lco).....	112
Tableau 42 : Paramètres du modèle (Variable Lco).....	112
Tableau 43 : Analyse de la variance (Variable LQ)	113
Tableau 44 : Paramètres du modèle (Variable LQ).....	113
Tableau 46 : Paramètres du modèle (Variable LGi)	114
Tableau 47 : Analyse de la variance (Variable LCh)	115
Tableau 48 : Paramètres du modèle (Variable LCh)	115
Tableau 49 : Analyse de la variance (Variable LTra)	116
Tableau 50 : Paramètres du modèle (Variable LTra)	116
Tableau 51 : Analyse de la variance (Variable PP)	117
Tableau 52 : Paramètres du modèle (Variable PP)	117
Tableau 53 : Analyse de la variance (Variable Tbo)	118
Tableau 54 : Paramètres du modèle (Variable Tbo)	119
Tableau 55 : Analyse de la variance (Variable TP)	120
Tableau 56 : Paramètres du modèle (Variable TP)	120
Tableau 57 : Analyse de la variance (Variable TSt)	121
Tableau 58 : Paramètres du modèle (Variable TSt)	121
Tableau 59 : Analyse de la variance (Variable Tca).....	122
Tableau 60 : Tableau Paramètres du modèle (Variable Tca).....	122
Tableau 61 : Analyse de la variance (Variable Tcou)	123
Tableau 62 : Paramètres du modèle (Variable Tcou)	123
Tableau 63 : Analyse de la variance (Variable TVB).....	124
Tableau 64 : Paramètres du modèle (Variable TVB).....	124
Tableau 65 : Analyse de la variance (Variable DT).....	125
Tableau 66 : Paramètres du modèle (Variable DT).....	125
Tableau 67 : Analyse de la variance (Variable DDT)	126
Tableau 68 : Paramètres du modèle (Variable DDT)	126
Tableau 69 : Analyse de la variance (Variable QL/j)	127
Tableau 70 : Paramètres du modèle (Variable QL/j)	127
Tableau 71 : Analyse de la variance (Variable Pds).....	128
Tableau 72 : Paramètres du modèle (Variable Pds).....	128
Tableau 73 : Synthèse pour tous les Y	129

Tableau 74 : Fréquences des différentes écotypes chez la population cameline «TERGUI»	130
Tableau 75 : Moyennes et écarts-types des variables quantitatives.....	134
Tableau 76 : Valeurs propres et la variabilité expliquée pour le cas «global»	135
Tableau 77 : Valeurs propres et la variabilité expliquée pour le cas « races ».....	135
Tableau 78 : Valeurs propres et la variabilité expliquée pour le cas «phénotypes»	136
Tableau 79 : Valeurs propres et la variabilité entre les facteurs correspondants (Cas «localités »).....	136
Tableau 80 : Coordonnées des variables quantitatives (poids factoriel) basées sur les corrélations.	138
Tableau 81 : Coordonnées des variables quantitatives (poids factoriel) basées sur les Corrélations cas «écotypes».....	144
Tableau 82 : Coordonnées des variables quantitatives (poids factoriel), basées sur corrélations. Cas formulé par « localités »	148
Tableau 83 : Composition des classes pour le cas formulées par «races»	153
Tableau 84 : Composition des classes pour le cas formulées par «phénotypes ».....	153
Tableau 85 : Composition des classes formulées pour le cas formulé par «Localités».....	153
Tableau 86 : Description du dendrogramme cas formulé par «Races».....	156
Tableau 87 : Description du dendrogramme cas formulé par «phénotypes».....	156
Tableau 88 : Description du dendrogramme cas formulé par «Localités».....	156
Tableau 89 : Déséquilibre de Hardy-Weinberg des microsatellites ($p < 0.05$) pour les phénotypes étudiés.....	162
Tableau 90 : Diversité génétique des allèles rares (privés) et les fréquences par locus et population : pour les cinq phénotypes étudiées.....	164
Tableau 91 : Nombre efficace d'allèles mis en évidence pour chaque marqueur microsatellite pour les phénotypes étudiés ainsi que leur PIC	166
Tableau 92 : Taux d'hétérozygotie par microsatellite Il faut inclure les valeurs de l'hétérozygotie attendue aussi (H_e) pour la comparée avec la H_o et dire s'il y a in déficit ou un excès.....	167
Tableau 93 : Taux d'hétérozygotie par population. Il faut inclure les valeurs de l'hétérozygotie attendue aussi (H_e) pour la comparée avec la H_o et dire s'il y a in déficit ou un excès.	168
Tableau 94 : Mesures de la diversité génétique dans chaque phénotype (Les écarts-types sont entre parenthèses).....	169
Tableau 95 : Paramètres de FIS par population étudiées.....	171
Tableau 96 : Paramètres F-statistiques selon la méthode de Weir & Cockerham (1984).....	172
Tableau 97 : Flux des gènes N_m entre les paires des écotypes étudiées	173
Tableau 98 : Distance génétique de Nei-dessous des estimations diagonales et FST par rapport à la paire dessus de la diagonale et établissement des relations phylogéniques entre les paires des cinq phénotypes étudiées.....	173

INTRODUCTION

Les ressources génétiques constituent le bien le plus précieux et le plus important du point de vue stratégique car de nombreuses populations, races et espèces animales indigènes contribuent majoritairement aux besoins humains et pourraient générer beaucoup plus qu'elles ne le font actuellement. Afin d'assurer la durabilité des espèces et éviter leurs extinctions, l'étude et la gestion de la biodiversité permet d'accumuler les connaissances et de s'orienter vers les valeurs économiques tant sur le plan génétique que sur leurs utilisations en système agro-industriel ce qui qualifie la biodiversité comme source potentielle de revenu permanente à l'échelle mondiale (FAO, 2012^a).

Le développement de l'élevage des animaux a constitué un élément capital de la notion de diversité par des sélections phénotypiques; les éleveurs procédaient à des améliorations lentes mais cumulatives de la qualité génétique de leurs élevages en fonction de leurs objectifs (Rege et al., 2003). Les succès qui ont marqué cette amélioration ne doivent guère masquer la réduction ou la perte de la diversité des ressources génétiques qui a besoin de préservation (Roger, 2008). L'habitat des régions arides, à conditions climatiques extrêmes peut être plus clément grâce à ses espèces autochtones tels les camélidés. En effet, le besoin de situer l'élevage dans son milieu ou dans son contexte et d'en caractériser les différentes races, phénotypes et populations n'est plus à discuter, et constitue la base nécessaire à tout projet de sélection et d'amélioration des performances. En génétique et sélection animale, l'identification des individus est avant tout, indispensable à son développement. Le système d'identification, plus particulièrement chez le dromadaire, a toujours été le souci majeur des chercheurs activant dans le domaine des ressources zoogénétiques à quelques niveaux et degrés de responsabilité différents en fonction des moyens investis. De ce fait, on peut imaginer des systèmes d'identification divers afin de mettre fin, sinon limiter au maximum les pertes de nos ressources d'une manière particulière, mais aussi permettant d'envisager les programmes de sélection et d'amélioration génétique.

Parmi les ruminants, le dromadaire est le mieux adapté à l'environnement désertique, à la chaleur torride et à l'extrême dessiccation. Ainsi son anatomie et sa physiologie font qu'il diffère des autres animaux qui vivent sous des climats doux. En plus de son rôle en tant que moyen de transport, le dromadaire a également servi en tant que source de nourriture et de confort pour les habitants du désert (Wilson, 1984). Animaux polyvalents, les dromadaires sont encore aujourd'hui une composante essentielle de l'écosystème désertique et une source de protéines animales à bon marché pour la population autochtone car ils ont la capacité de convertir les ressources végétales rares et celluloses du désert en lait et viande pour la consommation humaine d'où l'intérêt de la domestication de cet animal (Epstein, 1971).

L'évaluation de la situation de l'élevage camelin en algérie s'avère nécessaire afin de déterminer les facteurs limitant son développement. Par ailleurs, en algérie, la gestion des ressources génétiques animales est axée le plus souvent sur les animaux de rente qui, malgré leur

importance primordiale pour la sécurité alimentaire et pour le développement économique et social, sont sujets actuellement au processus d'érosion génétique qui va en s'accroissant.

Pour l'espèce cameline, on ne peut pas encore, à l'heure actuelle, parler de conservation ou d'amélioration du patrimoine génétique camelin. Les rapports faisant état des ressources génétiques rapportent très peu d'informations sur ce volet et demeurent en attente d'une prise en charge de l'identification, de la caractérisation, de l'amélioration et de la conservation de cette espèce au niveau national.

La génétique est un outil puissant d'amélioration des performances zootechniques. Celui-ci a été largement utilisé pour adapter la production animale aux exigences du marché (Guernec *et al.*, 2003). Plusieurs recherches ont été effectuées sur les productions animales, et spécialement celles liées à la fois à la qualité des produits et à l'efficacité de l'utilisation des aliments (Sillence, 2004). La couleur du pelage des animaux domestiques a toujours été un marqueur d'identité des races. Or l'étude et la recherche des indices de la diversité génétiques qui est considéré comme l'une des plus précieuses richesses de la planète permettraient d'estimer la valeur génétique des dromadaires et d'élaborer ainsi des programmes de conservation, d'amélioration et de sélection de cet inestimable patrimoine génétique. De ce fait, comprendre la dynamique des ressources génétiques de l'espèce cameline est un enjeu qui doit permettre non seulement de rationaliser l'accès à la diversité contenue dans les ressources génétiques, mais aussi de développer avec la meilleure rigueur les approches analytiques de la génétique d'association pour repérer les gènes impliqués dans la variation des caractères d'intérêt agronomique et devrait permettre d'appréhender plus finement les différences entre les races.

L'identification des polymorphismes génétiques d'intérêt agronomique passe par la démonstration d'associations statistiques significatives entre le polymorphisme moléculaire et la variation phénotypique pour des caractères d'intérêt agronomique, issus l'un du «génotypage», l'autre du «phénotypage». Ces associations peuvent avoir une origine fonctionnelle directe, dans le cas où le gène ou les gènes impliqués ont été déterminés et les variations de séquence entre allèles parfaitement caractérisés.

Les recherches sur les ressources génétiques animales (RGA), notamment du dromadaire en algérie, revêt une importance particulière au vu de ses nombreuses potentialités, d'abord par sa capacité à produire de la viande, du lait et de l'"Oubar" pour les populations des régions arides et semi arides, mais aussi par sa rusticité et son adaptation aux conditions très difficiles en raison de sa capacité à utiliser les ressources alimentaires de qualités médiocres et à les transformer en protéines animales. La bonne prise en charge de l'élevage camelin national repose, avant tout, sur un processus d'identification et de caractérisation des différentes populations autochtones et leur valorisation sur le plan génétique ; processus, autour duquel pourra s'articuler des programmes relatifs à la conservation et l'amélioration du patrimoine génétique, d'une part, et à la sélection et spécialisation des individus en fonctions des performances zootechniques d'autre part.

L'objectif de cette étude est de décrire la diversité génétique de la population cameline «Tergui», d'analyser sa diversité génétique intra et inter population et de mettre en évidence les perspectives d'exploitation et la valorisation de leurs produits dans des systèmes d'élevage durables.

Dans le présent travail, un effort a été consenti pour déterminer par l'analyse de la diversité génétique les différents phénotypes (écotypes) existants de la population «Tergui» qui n'ont été jusqu'à présent différenciés uniquement sur la base de l'apparence phénotypique, la situation géographique ou sur la propriété tribale. Les données de ce travail ne seraient pas seulement utiles à aider à reconnaître les dromadaires des différents troupeaux régionaux selon les races, mais intervenir dans leurs futurs programmes de reproduction qui peuvent assurer un essor considérable dans les caractéristiques des performances, notamment la production de lait et de viande. Il a été convenu que les variations dans les principaux critères morphologiques fixés, le génotype et la performance de différentes populations de dromadaire qui composent les populations au niveau national n'étaient pas suffisantes décrites pour les appeler races.

Une connaissance adéquate sur la situation de nos races dans le but d'asseoir les bases pour une meilleure utilisation rationnelle et une meilleure contribution au développement des zones arides et semi-arides passe systématiquement par une identification, une caractérisation génétique et une préservation de nos races animales.

Par ailleurs, notre ambition est de fournir des renseignements fiables pouvant être considérés comme des éléments scientifiques de référence sur lesquels les processus d'identification, de caractérisation, de sélection et de conservation de ce patrimoine ancestral dans l'un de ses principaux berceau, pourra s'appuyer.

La thèse est organisée en deux parties : des éléments bibliographiques seront tout d'abord apportés dans la première partie pour faire le point successivement sur des généralités de dromadaire montrant son importance, au niveau mondial, national et régional dans les différents systèmes de productions et l'état de la conservation et les méthodes de caractérisation de la diversité des ressources zoogénétiques animales. Puis, dans la deuxième partie, nous aborderons la méthodologie mise en œuvre ; ensuite, nous présenterons et discuterons les résultats obtenus. Nous achèverons notre travail nécessairement par une conclusion où seront abordés les points essentiels de notre travail et les perspectives pour les travaux ultérieurs.

PREMIERE PARTIE : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE

CHAPITRE I : GENERALITES SUR LES CAMELIDES

1. Place des camélidés dans le règne animal

1.1. Systématique

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

Le dromadaire qui ne fait pas exception à cette systématique, est un grand mammifère artiodactyle (à nombre pair de doigts) ruminant, originaire des régions désertiques d'Afrique du Nord, proche du chameau, mais pourvu d'une seule bosse. Pour cette raison, il n'est pas erroné de qualifier un dromadaire de chameau mais seulement imprécis.

1.2. Taxonomie

Le dromadaire appartient au genre *Camelus* et à la famille des Camélidés. Musa (1990) et Faye (1997) ont signalé que les **Camélidés** d'Asie, confrontés au froid et à l'aridité comme dans le désert de Gobi, évoluèrent en chameau à deux bosses : le chameau de Bactriane. Ceux qui se déplacèrent dans les régions chaudes et arides (Afrique et Moyen-Orient), évoluèrent en chameau à une bosse : le dromadaire. La famille des camélidés comprend deux genres: *Camelus* et *Lama*. Le genre *Camelus* occupe les régions désertiques de l'Ancien Monde (Afrique, Asie et Europe) alors que le genre *Lama* est spécifique des déserts d'altitude du Nouveau Monde (les Amériques) où il a donné naissance à quatre espèces distinctes (Figures 1 et 2).

Des études cytologiques menées par Samman et *al.*, (1993) confirment que toutes les espèces camelines sont très proches les unes des autres sur le plan génétique avec 37 paires de chromosomes ($2n = 74$). Mais les formes de ces chromosomes différents d'une espèce à l'autre, avec trois groupes de formes chez les dromadaires. Ce rapprochement a conduit à une compatibilité reproductive entre les différentes espèces de camélidés. L'hybridation entre Bactriane et dromadaire est fréquente dans le sud du Kazakhstan où la cohabitation entre Bactriane, dromadaire et hybrides peut exister au sein d'une même exploitation. Selon le type d'hybridation, on distingue au Kazakhstan une grande variété d'hybrides possédant différents signes phénotypiques. Pour chaque génération, selon leurs parents, il existe un nom en kazakh, une terminologie d'hybridation utilisée dans toute l'Asie Centrale (Konuspayeva, 2007).

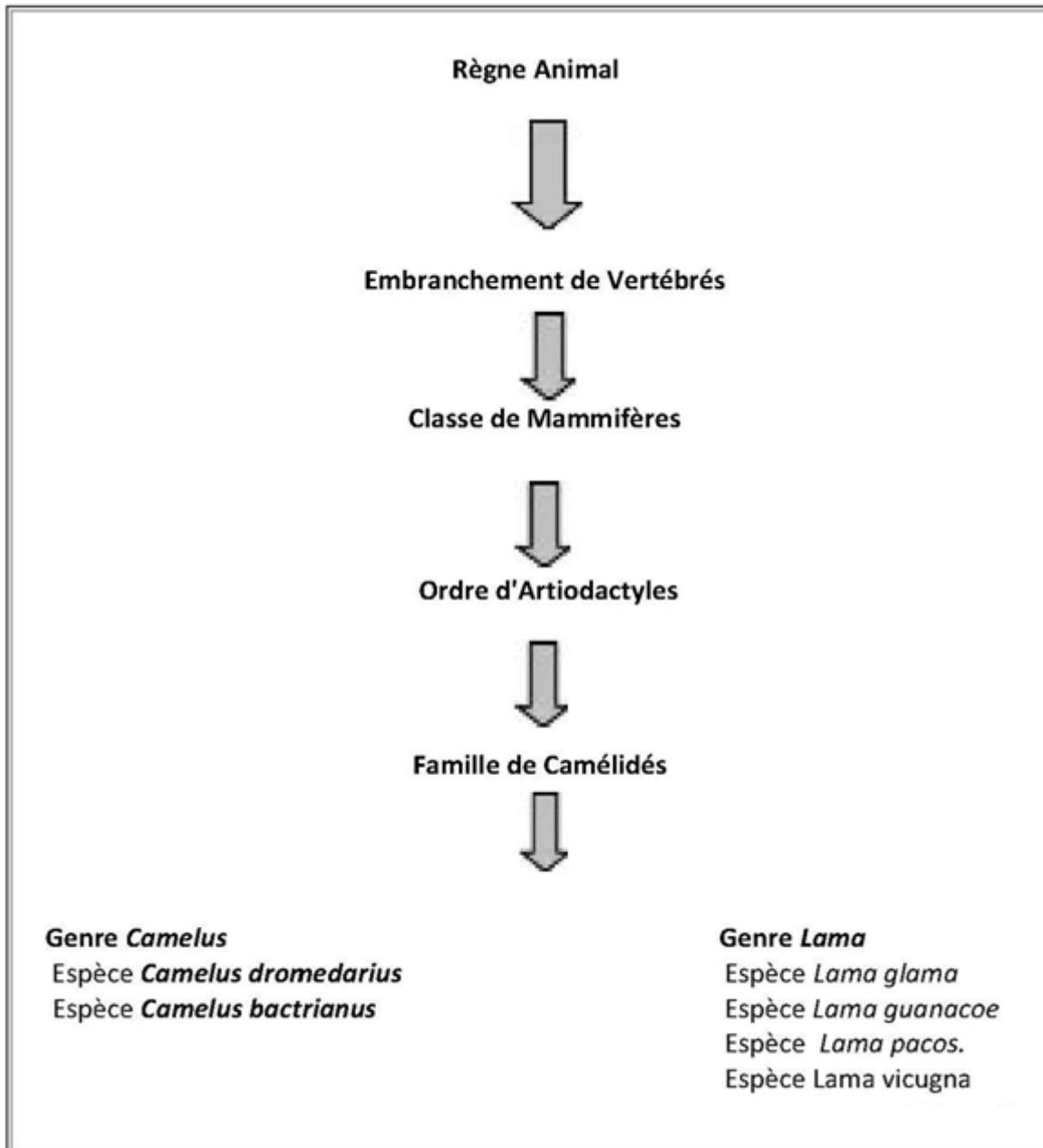


Figure 1 : Systématique des camélidés (Musa, 1990; Faye, 1997)

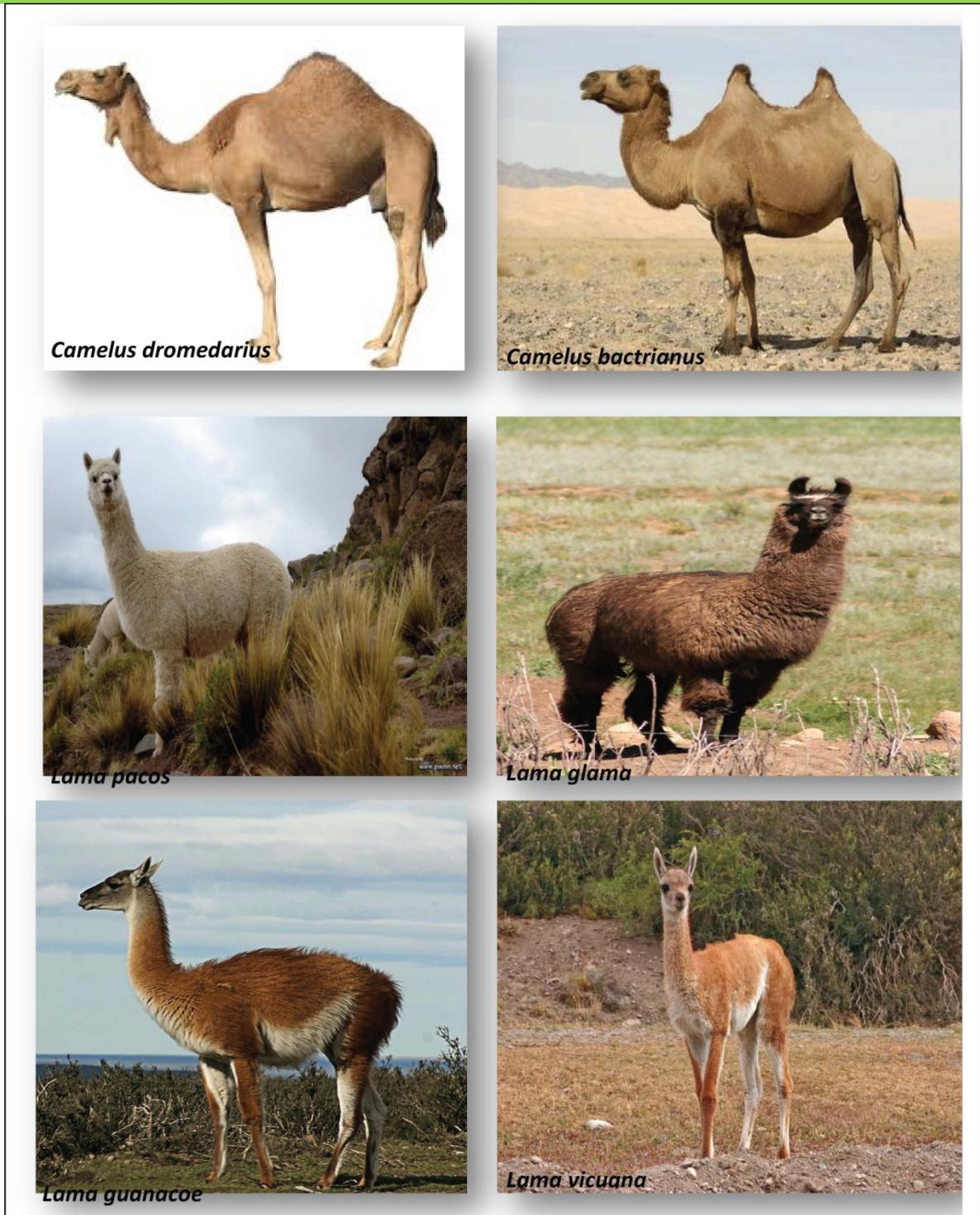


Figure 2 : Espèces de la famille des camélidés

Source : Wikipédia, 2016.

1.3. Classification

Le dromadaire *Camelus dromedarius* fait partie de la famille des camélidés, du genre *Camelus* et du sous ordre des Tylopodes (Simpson, 1954 in Wilson, 1984).

Le dromadaire ayant une seule bosse (*Camelus dromedarius*) se trouve dans les pays chauds et secs de l'Asie et de l'Afrique. Ce nom vient du grec *dromados* ou coureur, descendant des espèces bactriennes à deux bosses. Cette théorie se fonde en partie sur des études embryologiques qui montrent que pendant la période prénatale, le fœtus du dromadaire présente en fait deux bosses (Dennler de la Tour, 1971) alors que l'on retrouve chez l'adulte une bosse antérieure rudimentaire.

Selon Williamson et Payne (1978), les espèces à une bosse ont probablement évolué dans l'une des zones les plus chaudes et les plus arides. Il est appelé « *dromedarius* » par opposition au cousin *Camelus bactrianus* (originaire de Bactriane, région correspondant approximativement à l'Afghanistan actuel). En algérie, l'ensemble du cheptel camelin est constitué exclusivement de dromadaire de l'espèce *Camelus dromedarius*.

2. Distribution et origine des camelins

2.1. Distribution géographique

Les populations camelines sont cantonnées dans les milieux extrêmes (steppes et déserts), dans trois différents continents. C'est en Afrique de l'Est que les camélidés sont le plus souvent représentés, avec une forte concentration (58 % du cheptel mondial). On dénombre 6,200 millions de dromadaires en somalie et près de 3,203 millions au soudan (FAO, 2002).

Le chameau de Bactriane représente 21,75 % de l'effectif de l'Asie et 4,78 % de l'effectif mondial (FAO, 2002) avec une densité de 1,5 environ d'animaux, répartis entre la Mongolie, la chine et la Turquie. Moins d'un millier vivent à l'état sauvage (Faye, 1997).

Quant aux dromadaires sauvages d'Australie, nul ne connaît leur nombre exact. En effet, le dromadaire est d'autant plus acclimaté et évolué mieux lorsqu'il vit dans un climat chaud et sec. Il ne supporte pas un climat trop froid. Par contre, le chameau à deux bosses ne supportant pas la moindre chaleur, son habitat au Nord ne connaît de limite, que celle que lui oppose l'absence de la nourriture. Les hybrides ne peuvent vivre que dans les régions communes à leurs parents.

2.2. Origine des camelins

Plusieurs hypothèses ont été avancées concernant l'origine du dromadaire (*Camelus dromedarius*). Il serait venu d'Amérique du Nord et a apparu il y a 50 millions d'années. Faye (1997) a signalé que les camélidés occupent les zones arides de l'hémisphère nord, et que plusieurs représentants du genre *Camelus* sont répertoriés en divers points de l'ancien monde.

Selon Wilson (1998) et Faye (1997), le premier genre considéré comme l'ancêtre directe des camélidés actuels est le *Protomeryx*, apparu à l'oligocène supérieur (Amérique du Nord) il y a 3

millions d'années. Puis, le Procamelus, la formation la plus évoluée au pliocène (10 millions d'années). Il aurait pénétré en Afrique par le Sinaï pour atteindre la corne de l'Afrique du Nord, il y a 2 ou 3 millions d'années. Cependant, il aurait disparu de l'Afrique pour n'y être réintroduit que beaucoup plus tard à la faveur de la domestication.

Le dromadaire pénètre en Afrique du Nord par le Sinaï au début de l'ère chrétienne. Wilson (1998) et Faye (1997) rapportent que la première utilisation du dromadaire pour tirer l'araire date de l'époque romaine en Afrique du Nord (Figure 3).

Selon Marçais (1915), le chameau arabe a été introduit par les arabes en Afrique (641-706) mais en plus grand nombre au IX^{ème} siècle (1045) lors de l'invasion des Beni Hillel et Beni Temim. Il a du être fortement croisé avec le dromadaire africain puisqu'il existe un ancêtre du genre *Camelus thomasi* daté de 22 000 ans avant J.C. (Lohte, 1987).

Cauvet (1925) estime que le dromadaire existe en Afrique depuis l'époque mio-pilocène et n'a jamais disparu.

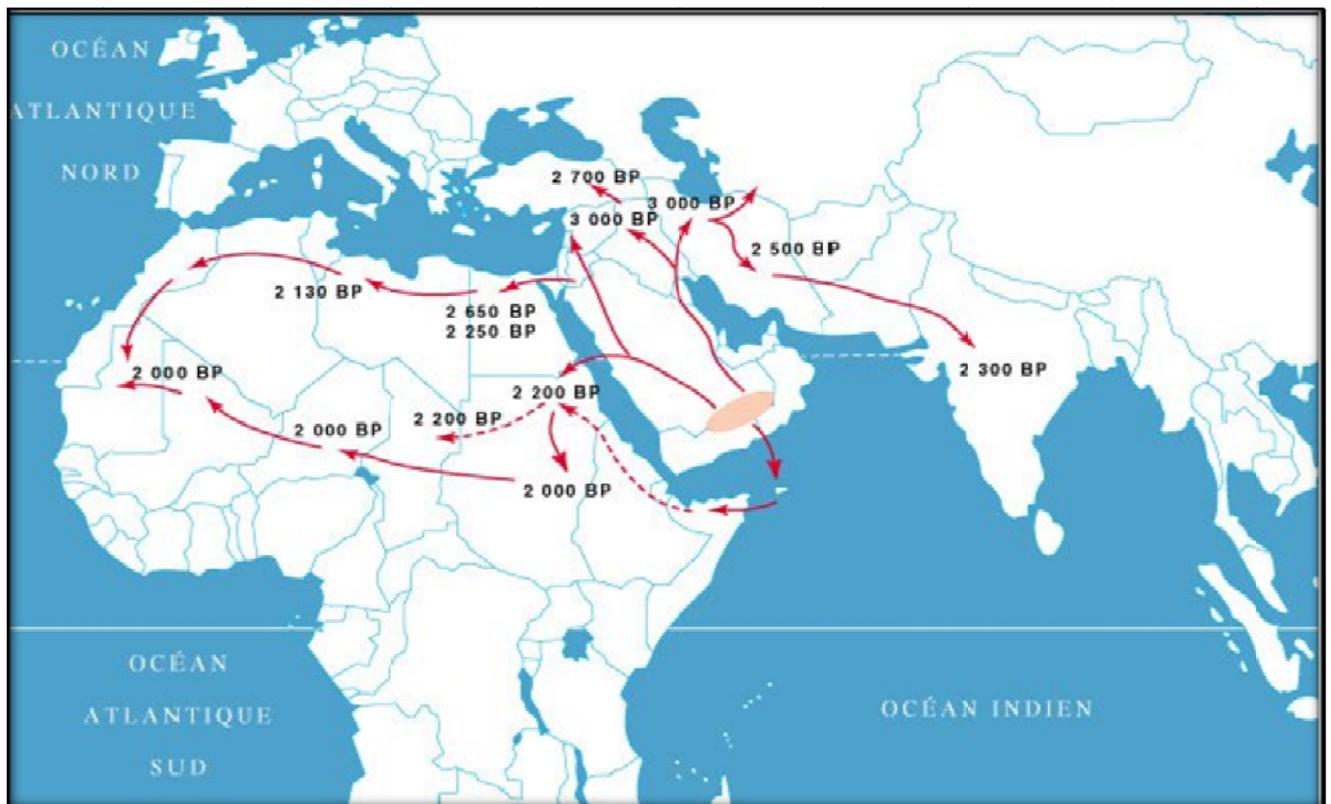


Figure 3 : Chronologie de la dispersion du dromadaire (Cirad-Emvt, 1999)

La figure 4 montre des Bédouins Antiques montés sur un dromadaire au 7^{ème} siècle av JC. Cette ethnie du monde Arabe, nomade par excellence, était une menace perpétuelle pour les Babyloniens et plus tard les Assyriens. Ce bas relief retrouvé à Ninive, décrit les campagnes d'Assurbanipal (Assyrie) contre ces redoutables « razzieurs».



Figure 4 : Gravures Antiques au 7^{ème} siècle av JC (Ninive).

La figure 5 illustre les gravures existantes dans le massif d'Attakor (Hoggar, Sud Algérien).



Figure 5 : Gravures et peinture rupestre de l'Attakor (Hoggar) (Photo : André Laurenti).

2.3. Phénomène de domestication des camelins

Par définition, le mot domestication n'a plus, aujourd'hui, de signification univoque et il est utilisé selon différentes acceptations.

Selon Denis (2004), la domestication est un processus par le quel l'animal s'intègre à la famille dont il finit par devenir un membre à part entière. La signification la plus large revient à considérer comme domestique tout animal qui est élevé par l'homme, pendant une période courte ou longue où celui-ci continue de s'intéresser à l'espèce. Selon le même auteur, les espèces domestiques sont celles qui ont fait l'objet d'une pression de sélection continue et constante laquelle a abouti à la formation de groupes d'animaux ayant acquis des caractères stables, génétiquement transmissibles (rameaux, races et écotypes). La domestication du dromadaire reste assez récente par rapport à son apparition ; il existe un seul scénario de domestication (Faye, 1997 ; Wilson, 1998). Il est probable que le dromadaire fut domestiqué dans le sud de la péninsule arabique environ 2000 ans A-J à partir d'une population sauvage occupant les vallées arides de ce qui est aujourd'hui « Hadramaout » (Rollefson, 1991 ; Jiaulin et al., 1999). Toutefois, il semble que l'utilisation du dromadaire s'est popularisée en Inde beaucoup plus tard.

2.4. Situation et dispersion du dromadaire dans le monde

La population cameline mondiale est confinée dans la ceinture désertique et semi-aride d'Afrique et d'Asie. Le dromadaire est répertorié dans 35 pays "originaires" s'étendant du Sénégal à l'Inde et du Kenya à la Turquie (Faye, 1997). Le chameau de Bactriane n'est présent, quant à lui que dans une zone étroite s'étendant de la Turquie à la Chine comprenant à peine une dizaine de pays. L'effectif est d'au moins 20 millions de "grands camélidés" (groupe comprenant les dromadaires et les chameaux), à distinguer des "petits camélidés" d'Amérique andine dont un peu plus d'un million de chameaux de Bactriane. Les effectifs mondiaux ne cessent d'augmenter depuis 60 ans en dépit de la diminution de l'activité caravanière et le nomadisme.

2.4.1. Aires de distribution

Actuellement, l'aire d'extension du dromadaire est l'habitat qui correspond à la bande désertique qui traverse le continent de l'ancien monde; il coïncide avec les régions vouées au nomadisme.

Sa physiologie particulière lui permet de vivre dans les climats chauds qu'aucune autre espèce ne peut tolérer, ce qui facilite la détermination de ses aires de distribution.

La distribution du dromadaire est limitée aux régions tropicales et subtropicales, arides et semi-arides d'Afrique et d'Asie. Elle couvre totalement ou partiellement 19 pays d'Afrique et 18 pays d'Asie et représente environ 20 millions de km² (Richard, 1985).

2.4.2. Répartition géographique des dromadaires

En Afrique, selon *Richard (1985)*, les principales zones d'élevages du dromadaire se situent dans la partie septentrionale de l'Afrique de l'Est et de l'Afrique de l'Ouest et en l'Afrique du Nord. La limite Sud de son aire est approximativement 13° de latitude Nord sauf à l'Est où celle-ci descend jusqu'à l'équateur.

La figure 6 rapporte la situation géographique des différents pays compris dans l'aire de distribution du dromadaire dans le monde.

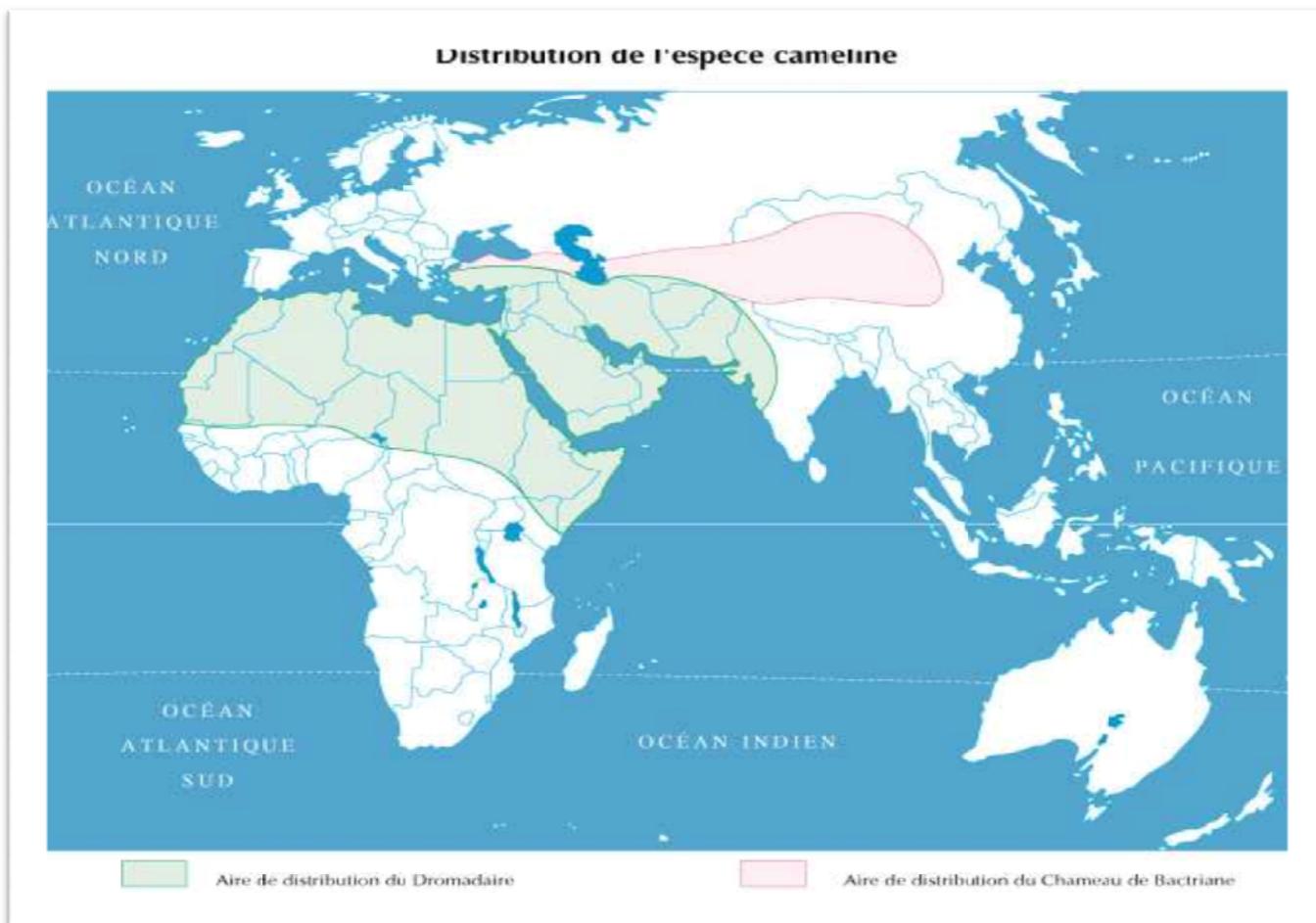


Figure 6 : Aire de distribution des camélins (Cirad-Emvt, 1999)

Près de 80 % des populations de dromadaires se situent en Afrique. Les pays de la corne d'Afrique (Somalie, Soudan, Ethiopie, Kenya, Djibouti) comptent à eux seuls 78 % du cheptel camelin mondial. C'est la Somalie qui abrite le plus grand cheptel, soit plus de sept millions de têtes.

En Asie, le dromadaire est principalement élevé au Moyen-Orient jusqu'à la bordure Est de l'Inde dans la péninsule arabique et au Proche Orient. Les limites de son aire de distribution sont approximativement, au Nord, du 48° ème de latitude Nord ce qui inclue une petite partie du Turkménistan soviétique et à l'Est, le 75° ème de longitude Est.

2.4.3. Evolution des effectifs des dromadaires

Il est évident que les chiffres sont relativement imprécis car le recensement de la population cameline est difficile à faire, compte tenu des grands mouvements de transhumance et de nomadisme que connaît cette espèce animale et la nature même des écosystèmes dans lesquels elle évolue. Les chiffres avancés par la FAO s'appuient sur des estimations qu'un recensement exhaustif.

Dans le monde, l'effectif camelin est estimé à **26,989 millions** de têtes (FAO, 2013) dont 23,003 millions de têtes (78 %) se trouvent en Afrique et 3,979 millions de têtes (22 %) en Asie (Tableau 1).

Selon Schwartz et Dioli (1992) et la FAO (2013), sur les 23 millions de têtes camelines qui se trouvent en Afrique, **17,853 millions** de têtes se trouvent en Afrique de l'Est. L'Afrique de l'Est possède donc à elle seule 66 % du cheptel mondial sur une superficie qui ne présente que 13 % de l'aire de distribution.

La Somalie et le Soudan à eux seuls détiennent plus de 66 % du cheptel camelin africain (environ 11 887 millions de têtes) alors que le Tchad, l'Éthiopie et le Kenya détiennent 7,5 % (environ 5,525 millions de têtes). En Asie, c'est le Pakistan qui possède le plus grand effectif camelin (plus de 1,008 millions de têtes), suivi par le Yémen (environ 454 milles têtes), ensuite les Emirats Arabes Unis (366 mille de têtes) et finalement l'Inde avec 380 milles de têtes.

2.4.4. Densité des dromadaires

La densité est la résultante de l'effectif de dromadaires par rapport à la biomasse des herbivores domestiques (BHD). Faye (1997) distingue quatre catégories :

2.4.4.1. Densité très faible

Cette catégorie concerne les pays qui ont effectivement une population cameline peu nombreuse (effectif < 1% de la BHD) dans lesquels l'élevage camelin constitue une activité mineure. En Afrique, il s'agit du Nigeria, du Sénégal et du Burkina-Faso qui se situent plutôt à la périphérie de l'aire de l'existence de l'espèce. En Asie, il s'agit de la Turquie, de la Syrie, de l'Iran et du Liban, pays où l'élevage des petits ruminants (notamment ovins) s'avère prépondérant.

2.4.4.2. Densité faible

Elle concerne essentiellement les pays où l'effectif est compris entre 1 et 8 % de la BHD et où l'élevage camelin représente une part importante de l'activité économique pour certains groupes de population. Tous les pays d'Afrique du Nord, excepté la Tunisie, sont concernés (Maroc, Algérie, Libye, Égypte) ainsi que le Mali, l'Éthiopie et le Kenya. En Asie, les pays de cette catégorie sont le Pakistan, l'Afghanistan, l'Irak et Oman.

2.4.4.3. Densité moyenne

Cette catégorie renferme les pays où l'élevage camelin constitue une part importante de l'économie agricole et l'effectif est compris entre 8 et 20 % de la BHD.

En Afrique du Nord, seule la Tunisie est concernée. Mais on y retrouve surtout les pays sahéliens : Niger, Tchad et Soudan. En Asie, ce sont les pays de la péninsule arabique, berceau de l'espèce qui relèvent de ce groupe : Arabie Saoudite, Jordanie, Bahreïn, Koweït et Yémen.

2.4.4.4. Densité forte

Ce sont les pays, peu nombreux, où la place culturelle du dromadaire est centrale et l'effectif est supérieur à 20 % de la BHD. Parmi les grands pays :

- En Afrique, la Somalie, la Mauritanie et dans les provinces sahariennes du Maroc et Djibouti.
- En Asie, ce sont les Emirats Arabes et Qatar qui relèvent de ce groupe. Bien entendu, l'économie caméline est dérisoire dans ces Etats par rapport à l'extraction pétrolière, mais le dromadaire est culturellement indéboulonnable en dépit des évolutions sociologiques liées à l'enrichissement de la population.

La densité de camelin est de 2,20 camelin/km² en Afrique de l'Est; elle est plus élevée en Somalie (9,72 camelin/km²). Par contre, en Afrique du Nord, elle est de 1,677 camelin/km² (Tunisie: 1,41 camelin/km² et l'Algérie : 0,10 camelin/km²) (Tableau 1).

Tableau 1 : Surface, population humaine, population cameline et importance des camelins dans les pays d'Afrique, d'Asie et d'Europe (FAO, 2013).

Pays	Surface (km ²)	Population humaine (10 ³)	Population cameline 10 ³ Têtes	Densité (camelin/km ²)
Total Monde			26 989	
Afrique de l'Est	4.863.100	142.026	17 853	
Djibouti	23.200	693	71	2,93
Eretria	11.760	3.991	370	6,37
Ethiopie	1.104.300	68.961	925	0,29
Kenya	580.370	31.540	3 100	1,43
Somalie	637.660	9.480	7 100	9,72
Soudan	2.505.810	27.361	4 787	1,27
Tchad	1.284.000	8.348	1 500	0,56
Afrique de l'Ouest	4.927.200	170.364	5 812	
Burkina Faso	274.000	12.624	17,665	0,05
Mali	1.240.190	12.623	979	0,37
Mauritanie	1.025.520	2.807	1 500	1,19
Niger	1.267.000	11.544	1 680	0,32
Nigeria	923.770	120.911	21	0,01
Sénégal	196.720	9.855	5	0,02
Namibia	825.418	1 138 229	0	
Sahara occidental			110	
<i>Afrique Centrale</i>	<i>1.284.000</i>	<i>8.348</i>	<i>1 500</i>	0,56
Afrique du Nord	5.752.910	129.407	838	1,677
Algérie	2.381.741	31.266	344	0,1
Egypte	1.001.450	70.507	142	0,11
Libye	1.759.540	5.445	58	0,004
Maroc	446.550	30.072	57	0,08
Tunisie	163.610	9.728	237	1,41
Total Afrique			24 503	
Moyen orient	6.387.000	1.139.852	3	
Asie Centrale			300	
Asie de l'Est			616	
Asie du Sud			1 624	
Asie de l'Ouest			1 438	
Reste Asie			2 312	
Total Asie			3 979	
Total Europe(E.Est)			7508	

2.5. Le dromadaire dans Le monde arabe

L'effectif camelin du monde arabe représente 15, 701 millions soit 68,24 % de l'effectif mondial et 88 % de l'effectif Africain (ACSAD, 1996 et FAO, 2013). La Somalie, le Soudan et la Mauritanie comptent 95 % de l'effectif camelin arabe (FAO, 2013).

Au Maghreb, l'effectif camelin est de 1,920 millions de têtes, soit 11 % de l'effectif camelin arabe et 10,38 % de l'effectif camelin mondial. Cet effectif se répartit comme suit : Mauritanie : 1 500 000 têtes, Algérie : 344 000 têtes, Tunisie : 237 000 têtes, Maroc : 57 000 têtes, Libye : 58 000 têtes et Sahara occidental: 110 000 têtes (FAO, 2013).

2.6. Le dromadaire en Algérie

Malgré ses qualités, ses aptitudes et ses spécificités, l'élevage camelin a fait de la part des pouvoirs publics soit l'objet de politiques de développement et de soutien complètement inadaptées, soit il a été complètement et pendant longtemps occulté. Face à cette situation très inconfortable, il est de plus en plus touché par la faiblesse et la raréfaction des ressources alimentaires naturelles et tend à se transformer, pour la grande majorité des éleveurs des wilayas sahariennes, en un "compte" d'épargne incertain. Outre cette marginalisation caractérisée, le dromadaire algérien est graduellement affecté par les politiques de sédentarisation des populations du Sahara et de la steppe, les maladies etc. En effet, et bien que très prisé par la population saharienne et steppique, non seulement comme principale source de protéines animales mais aussi pendant longtemps comme le moyen de transport le mieux adapté aux conditions très difficiles du milieu dans lequel il évolue, le dromadaire continue d'être considéré comme l'espèce animale qui peut survivre par ses propres moyens comme il a su et pu le faire jusqu'à ce jour. Pendant longtemps, le dromadaire a été considéré par les populations locales comme une valeur économique refuge, et bien entendu, représentant pour elles, un intérêt socioculturel majeur.

Le troupeau camelin national a évolué non seulement d'une manière très irrégulière mais presque dans un climat de parent pauvre de la production animale du pays. Les effectifs de cette espèce ont évolué en fluctuation au gré des années et les programmes initiés par les services publics n'ont jamais généré les résultats attendus.

L'Algérie dispose d'un effectif camelin non négligeable; il représente 1,32 % de l'effectif mondial, 2 % de l'effectif des pays arabes et 13 % de l'effectif du Maghreb ce qui classe l'Algérie au 19^{ème} rang mondial et au 8^{ème} rang du monde arabe. Toutefois, cet élevage subi de nombreuses contraintes d'ordre génétique et socio-économique qui représentent une menace pour la diversité génétique locale (Alioua, 2004).

2.6.1. Evolution de l'effectif

L'analyse de l'évolution du cheptel camelin algérien montre que cet élevage a progressé ces dernières années pour passer à 354 465 têtes en 10 ans (2000-2014) (MADR, 2014). Cette progression est liée à la prise en charge de cet élevage par l'instauration d'un fond du développement dédié à l'élevage camelin (FNRDA), et ce, parallèlement à l'intéressement des éleveurs à la filière laitière qui est devenue une activité promotrice dans les zones arides et semi arides (Figure 7). Par contre, entre les années 1990 au 2000, il a subi une nette regression due aux abattages incontrôlés, aux exportations clandestines, au changement du mode de vie et aux tendances à la sédentarisation de nombreux nomades.

Dans la wilaya de Tamanrasset, on note une évolution nette et rapide des effectifs camelins passant de 71 190 en 1999 à 85 895 en 2014 comparativement au autres wilayates du pays (Figure 8).

2.6.2. Répartition du cheptel

L'examen des statistiques relatives à cette espèce fait ressortir que les plus grands effectifs du cheptel camelin de la zone d'étude sont concentrés au niveau des wilayas de Tamanrasset, Tindouf, Adrar et El Oued soit près de 72% avec près de 28 % du cheptel concentrés au niveau de la wilaya de Tamanrasset.

L'élevage camelin est pratiqué dans trois zones principales couvrant 18 wilayas (Sahariennes et steppiques) :

- 93,18 % de l'effectif, soit 232 670 têtes se trouvent dans les dix wilayas sahariennes dont 50 % à l'échelle des wilayas de Tamanrasset et d'Adrar (MADR, 2014).
- - 6,81 % de l'effectif, soit 17 020 têtes se trouvent dans neuf wilayas steppiques.

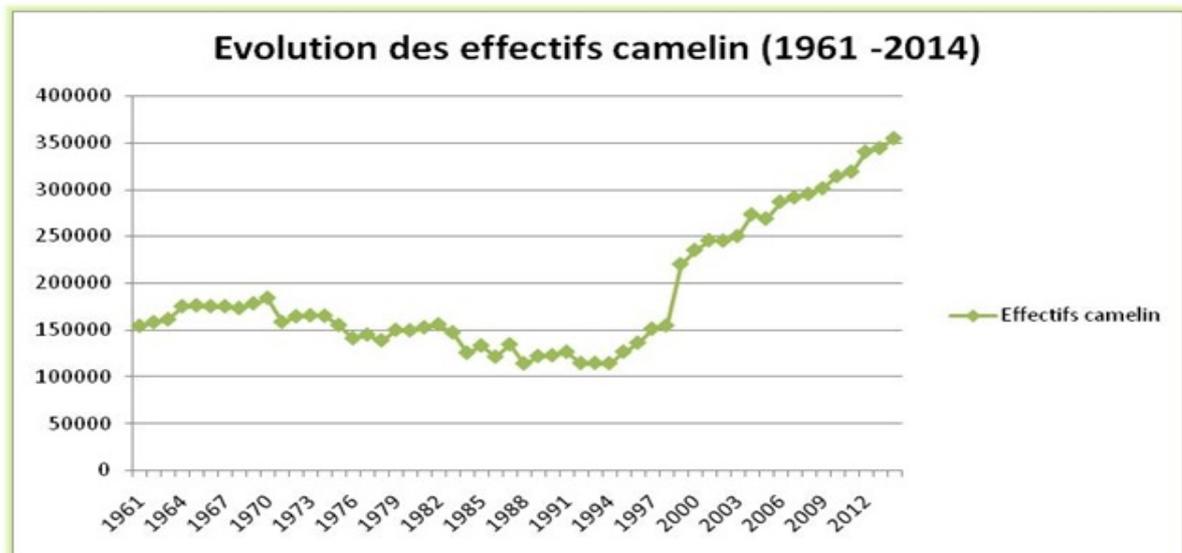


Figure 7 : Evolution des effectifs camelins en Algérie 1961-2014

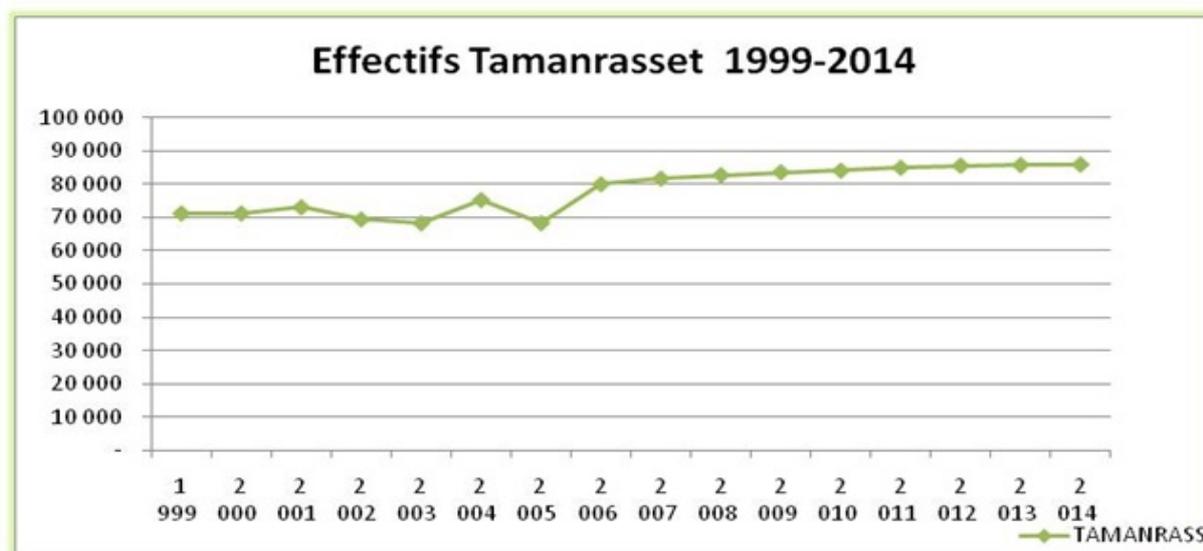


Figure 8 : Evolution des effectifs camélins dans la wilaya de Tamanrasset

Au delà des limites administratives, on distingue quatre (04) grandes zones de distribution du camelin (Tableau 2 et Figure 9) :

Tableau 2 : Répartition des populations camelines en Algérie (Aires de distribution)

Aires de distribution	Zones	Effectifs	Pourcentage (%)
1 ^{ère} zone	Sahara-Septentrional et sahara centrale	52 375 têtes dont le plus grand nombre est localisé à l'échelle des wilayas de Ghardaia et Ouargla.	14,77
2 ^{ème} zone	Sud-Est	45 143 têtes (l'essentiel de cet effectif est localisé dans la wilaya d'El Oued).	12,73
3 ^{ème} zone	Sud-ouest	88 772 têtes dont plus de 48 620 têtes pour les seules wilayas de Bechar et Tindouf.	25,04
4 ^{ème} zone	Extrême Sud	168 175 têtes (Tamanrasset à elle seule détient la moitié de l'effectif, soit 85 895 têtes).	47,44
Total		354 465	100

Globalement, le cheptel national se trouve concentré dans la wilaya de Tamanrasset avec un effectif de 85 895 têtes, soit 28 % de l'effectif camelin national, viennent ensuite les wilayas d'Adrar avec 49 950 têtes, d'El Oued avec 38 000 têtes et illizi avec 32 330 têtes. Les effectifs des wilayas steppiques sont très réduits. Quelques élevages persistent au niveau des parcours présahariens et parfois au niveau des parcours steppiques.

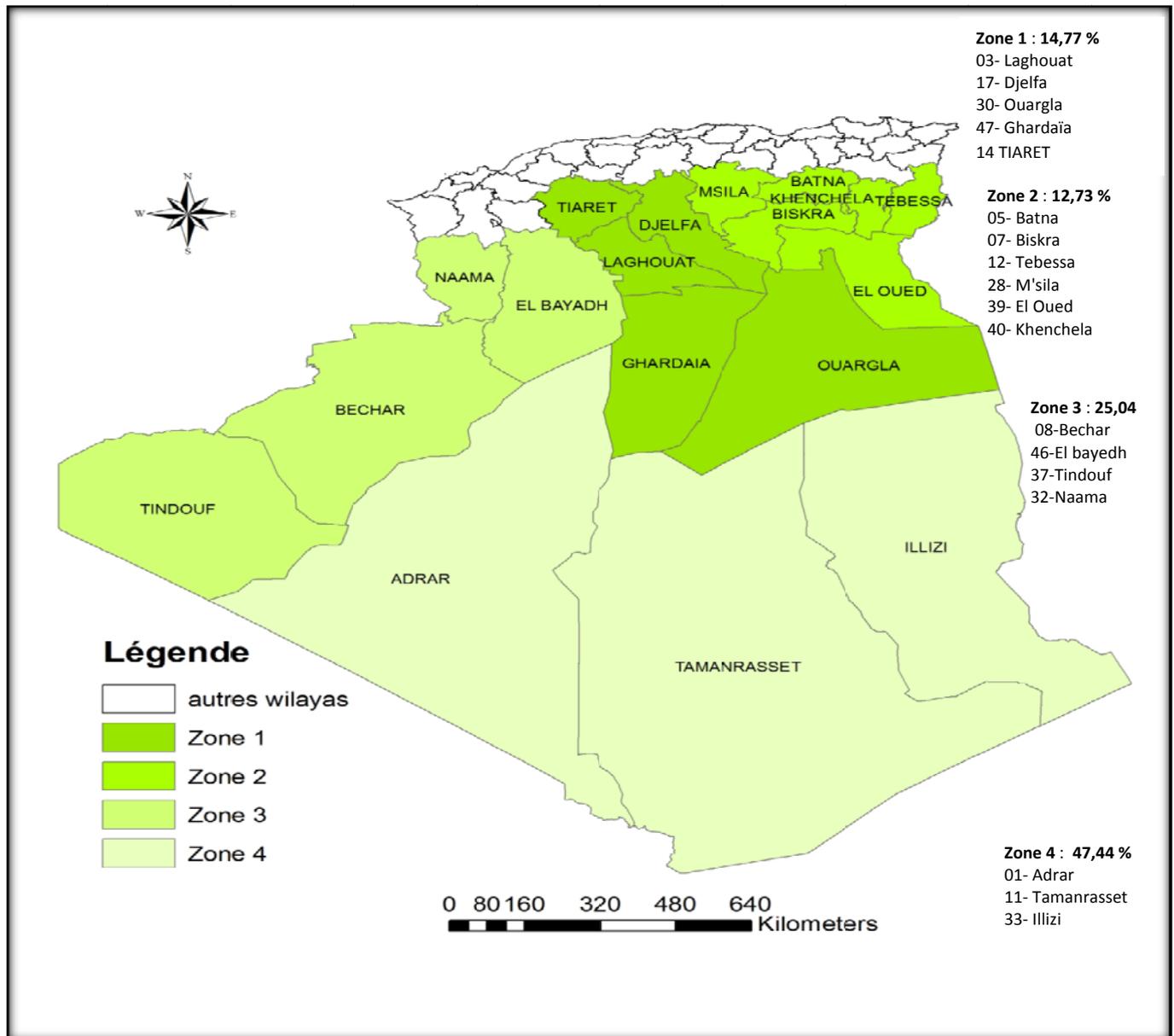


Figure 9 : Localisation des aires de distribution du dromadaire en Algérie

Malgré sa situation très aléatoire, le dromadaire algérien continue de marquer sa présence en offrant à son propriétaire des protéines, un moyen de transport irremplaçable et surtout une épargne sûre. En effet, il est à noter que l'utilisation du dromadaire, comme animal de rente évolue en marge du progrès scientifique; les traditions, le savoir faire local et les techniques ancestrales propres à la région sont les principaux ingrédients ayant aidé au maintien et au développement de cette espèce. Par contre, les progrès scientifiques, bien qu'étant présents demeurent très éloignés des éleveurs de dromadaires.

3. Les races et les caractères phénotypiques du dromadaire

Avant d'aborder la description des différentes races de dromadaires, il est essentiel de préciser plusieurs points : (i) du point de vue terminologie, il est impossible de parler de type, de race, de rameau ou d'écotype, (ii) une bonne description des populations de dromadaires est relativement difficile du fait que les sources fiables ne sont pas disponibles, (iii) et l'absence d'une méthodologie commune aux différents auteurs ayant abordé la description des dromadaires. Les seules classifications qui semblent possibles actuellement selon *Richard (1985)*, sont basées, soit sur le mode d'utilisation (bat ou selle) soit sur son habitat (montagnes ou plaines), mais il existe d'autres raisonnements qui évoquent la spécialisation (viande, lait et mixte) et la couleur de la robe (*Faye, 1997*) et d'autres basées sur les critères de mesures associés à la couleur de la robe (*Harek, 2008*).

3.1. Les races camelines

3.1.1. Classification générale

Toutes les espèces animales domestiques sont sélectionnées pour un trait économique spécifique qui résulte particulièrement du changement morphologique, à savoir la confirmation et la couleur.

Le dromadaire a été très peu sélectionné pour vraiment être considéré comme «race» et aucune spécialisation aux fonctions séparées pour la production de viande, de lait, poil, ou autres.

Globalement, *Richard (1985)* distingue deux grands types de dromadaires selon leur habitat :

- le dromadaire des montagnes, bien adapté pour le bât et le travail. Il est généralement court sur pattes, avec une taille modeste (1,8 à 2 m au garrot), une musculature compacte, une ossature forte, des pieds ronds à la sole dure et un pelage long, en hiver.
- le dromadaire des plaines, de grande taille (de 1,9 à 2,2 m au garrot), de corpulence élancée, doté d'un cou et de jambes longues, de pieds ovales à sole souvent molle et d'une robe à poils courts.

Faye (1997) distingue les races productrices de lait qui ont une petite bosse et un bon développement des mamelles et les races à viandes possédant une bosse plus grande et des membres antérieurs bien développés lorsque l'alimentation fourragère est suffisante.

En Libye, une tentative de classification a été faite sur la base de quelques paramètres morphologiques pour un éventuel classement de spécialisation de production (viande, lait) (*Shareha, 1990^a et ^b*). La même expérience a été faite en Arabie saoudite pour caractériser les races existantes en utilisant des mesures morphométriques (*Souad et Al-Motairy, 1988 et Marzouk, 2003*). En algérie, *Harek (2008)* a identifié la variation phénotypique de la population « Tergui ». Les résultats montrent l'existence d'une structuration composée de sous-populations (écotypes) même au sein de chaque sous population étudiées. L'analyse effectuée à l'aide de l'identification des variables phénotypiques et des paramètres zootechniques, s'avère très utile et peut constituer

la base pour l'identification et la caractérisation des populations camelines pour une éventuelle classification au niveau national.

La classification actuelle dans le monde est basée soit sur la couleur de la robe, le relief, le mode d'utilisation, l'origine tribale ou sur les points cardinaux (Tableau 3).

Tableau 3 : Les principales races camelines dans le monde (ACSAD 1990)

Races	Caractéristiques	Aptitudes	Observations
Mahri (Tergui)	Animal longiligne Robe claire ou pie Energique et souple	Animal de selle par excellence	Rencontré dans les zones de la Libye, d'Algérie, de la Tunisie, et le Nord de la Mauritanie.
Reguibi	Animal longiligne Energique, robe généralement claire, Le poil est ras	Excellent animal de selle	Vit dans le Sud Algérien et le Nord de la Mauritanie.
Maghribi	Animal media-ligne de confirmation moyenne	Très bon pour le transport	Lignée d'origine Soudano-égyptienne et Tunisienne.
L'Air	Dromadaire longiligne Robe clair ou pie	Animal de bat et de transport	Elevé dans les grandes tribus de touaregs qui lui donne le nom de dromadaire d'Adrar (Algérie).
Ouled sidi cheikh	Animal medialigne, taille 1,80 à 1,85 m pelage foncé	Animal à aptitude laitière, bon transporteur	Elevée au Nord de l'air, le Sud-Ouest Algérien et le Nord de la Mauritanie.
Chaambi	Animal medialigne de petite taille	Elevé pour le transport, moyen pour la selle.	Se trouve dans les zones du Sud-Ouest algérien et dans le Nord de la Mauritanie.
L'Ait Kebbach	Dromadaire bréviligne puissant, robe très foncée, poils ras.	Excellent animal de bat	Elevé dans le Sud-Ouest d'Ain Sefra (Algérie).
Le kairawene	confirmation moyenne	Animal de trait	Rencontre dans le Centre de la Tunisie
Dromadaire du Sahel	Animal bréviligne	-	Vit dans les zones sahariennes d'Algérie et la Tunisie.
Le Neble	Animal de grande taille	Apte à la production de viande, bon transporteur	Réputé dans tout le Nord et de la Tunisie
Serta	Dromadaire de grande taille	Apte à l'engraissement	Se trouve dans les régions Centres et Sud des montagnes vertes de la Libye.
Fesane	Race de taille plus ou moins petite, de couleur foncée.	Elevée pour le bat et la selle	Rencontré dans les Oasis de fezzan du Sud-Ouest de la Libye et le Sud-est Algérien.
Dromadaire de Kassabas	Animal de bonne conformation	Race à viande	Réputé dans les zones sahéliennes du Nord-Ouest de la Libye
L'Ouled Bouyoucef			Vit dans les Oasis de la Libye
Tebessti	Animal bien adapte	Utilisé à double fin (bat et selle)	Elevé dans le Sud Libyen et le Nord du Tchad.
Delta	Animal bien adapte aussi bien à la pierre qu'au sable	Utilisé à double fin (bat et selle)	Elevé dans le Sud Libyen et le Nord du Tchad.
Fellahi	Dromadaire fort	Utilisé pour les travaux agricoles (labours).	Rencontré au Sud de l'Égypte.

3.2. Les différentes races nominales en Algérie

L'espèce algérienne se caractérise par diverses variantes sur le plan de la taille et de la couleur du pelage. Du Nord au Sud, on constate une variabilité visible sur le plan couleur de pelage et conformation. Il s'agit généralement de races fortement croisées avec le dromadaire arabe. Mais au-delà de la donnée génétique, le principal point commun demeure une forte régression de l'effectif et un déclin remarqué de certains sous-types, tels que le chameau de la steppe rencontré à la limite de la steppe et du Sahara ainsi que l'Oued Sidi Cheikh répandus jadis dans le Sud oranais et remplacés par le type sahraoui. Le Chaâmbi et le targui sont de loin les types les plus robustes et les plus prisés. Excellent méhari, animal de selle par excellence, le second est souvent recherché au Sahara comme reproducteur. L'effectif camelin en Algérie est reparti sur quatre grandes aires, ou nous relevons l'existence de plusieurs types d'élevages camelins qui diffèrent entre eux par leur taille, leur conduite ainsi que la différence des «races» existantes dans chaque région (Figure 10).

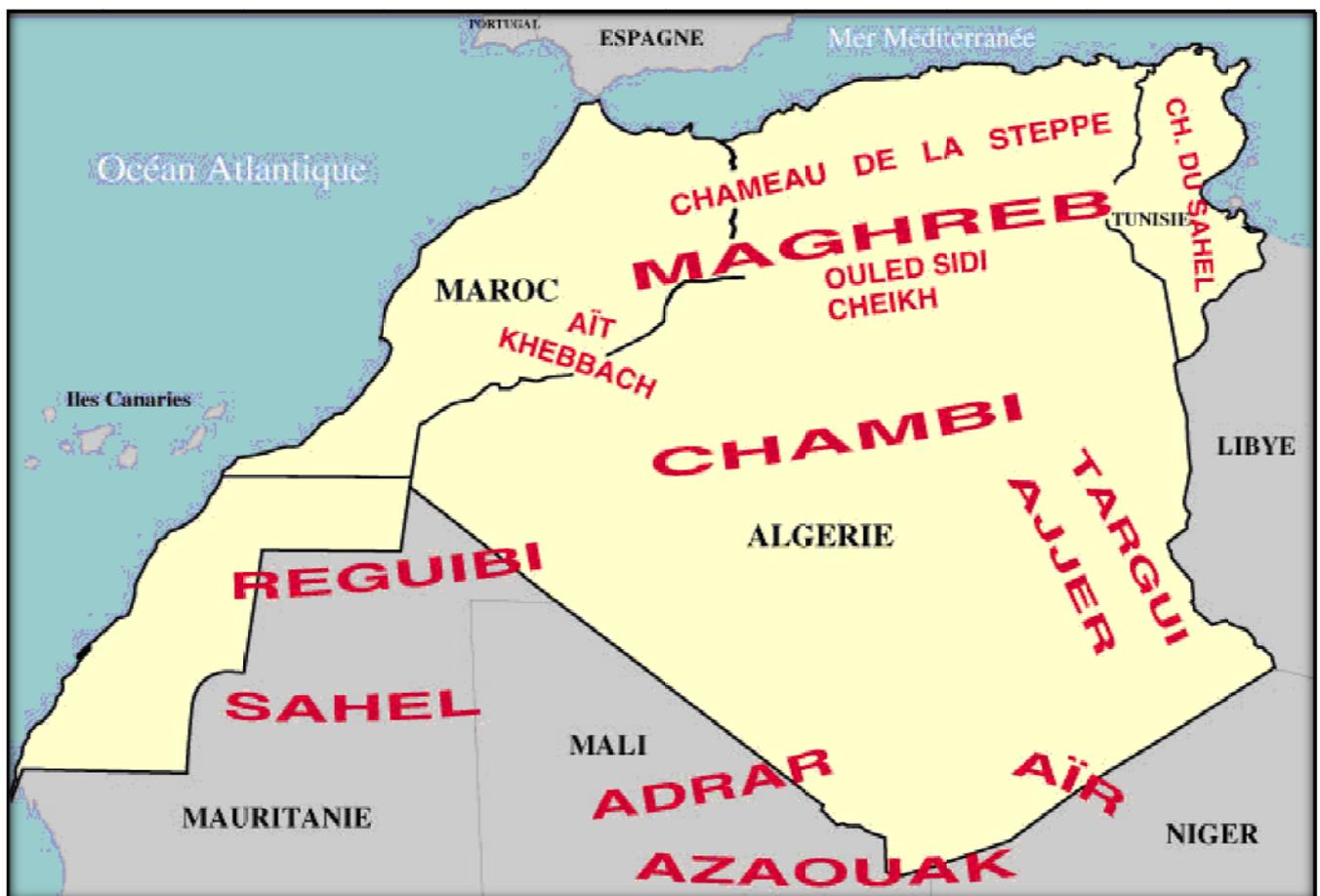


Figure 10 : Répartition géographique des principales races de dromadaire en Afrique du Nord.

L'effectif camelin national appartient à deux grands groupes génétiques : le Chaambi et le Tergui (Mahri). Il compte huit sous-types inventoriés : le Reguibi, le sahraoui, le chameau de l'Aftouh, l'Ajjer, l'Aït Kebbach, l'Ouled Sidi Cheikh et le chameau de la steppe. Cette répartition est confirmée par les études effectuées en Algérie par plusieurs auteurs (Boue, 1952 ; Lasnami, 1986 ; Ben Aissa, 1988 ; Ouled Belkhir, 1993) (Tableau 4).

Tableau 4 : Les principales "races" camelines existantes en Algérie (Cité par : Lasnami, 1986; Ben Aissa, 1988 et Ouled Belkhir, 1993).

Races	Caractéristiques	Régions
Barbari	<ul style="list-style-type: none"> - Forme fine. - Une arrière main bien musclée. - Bon producteur de lait. 	Limite Sud de la steppe
Chaâmbi	<ul style="list-style-type: none"> - Animal média ligne, musclé. - «Race» fortement croisée avec le rang du dromadaire arabe. - Taille petite. - Possède des couleurs différentes. - Très bon pour le transport. - Un bon producteur de lait. 	Du grand ERG occidental au grand ERG oriental
Ouled Sidi Cheikh	<ul style="list-style-type: none"> - Animal média ligne, solide. - Pelage foncé mi-long. - Animal de selle. 	Les Haut plateaux au Nord de grand Erg occidental
Sahraoui	<ul style="list-style-type: none"> - Croisement Chaâmbi et Ouled Sidi Cheikh. - Robuste à pelage foncé de couleur rouge mi-long. 	Grand ERG occidental au centre du Sahara
Ait Khebbach	<ul style="list-style-type: none"> - Animal bréviligne de taille normale - Robe très foncée à poils ras. - Animal de bat. 	Sud-ouest Algérien
Tergui	<ul style="list-style-type: none"> - « Race » de Touareg du Nord. - Animal fin et bien musclé. - Petite bosse rejetée vers l'arrière. - Petite Queue. - Un excellent Mahri noble, Arabe. - Robe claire blanche ou pie. 	Hoggar et Sahara central
L'Ajjer	<ul style="list-style-type: none"> - Animal bréviligne. - Petite taille. - S'adapte bien aux parcours en montagne. - Animal de bat et de selle. 	Tassili N'Ajjer
Reguibi	<ul style="list-style-type: none"> - Animal longiligne, énergique. - Un très bon Mahri et excellent animal de selle. - Robe claire et poils ras. 	Sud-ouest (Bechar et Tindouf)
Aftouh	<ul style="list-style-type: none"> - Animal bréviligne. - Excellent animal de selle. - Animal de trait et de bat 	Reguibet

3.3. Les caractères phénotypiques du dromadaire

Selon Adnane et Zohir (1990), le dromadaire est un animal de grand format. Si on l'observe à distance, on peut distinguer facilement les différences entre les parties de son corps et leur volume. Il a de petites oreilles, une queue courte par rapport au volume de son corps, un cou long et des membres hauts. Le dromadaire a été toujours décrit par la couleur de sa robe. Cette couleur n'est qu'une influence extérieure (pas d'effet sur la physiologie et la production de l'animal). La couleur est héréditaire qui peut changer sous l'influence du milieu (génotype X milieu).

La majorité de ces couleurs est utilisée dans le but de connaître l'animal et de le différencier des autres types de la même race (CERD, 1989). Le tableau 5 résume les différents noms attribués au dromadaire (espèces nominales).

Tableau 5 : Les noms du dromadaire

Nom de l'animal	La couleur	Région et source
Echakra (Fauve)	- Fauve avec un blanc léger au niveau des pattes avant et arrière.	Lybie CERD (1989).
El Chaala	- entre le blanc et le rouge.	
El Hadjla	- Rouge clair avec un blanc au niveau des pattes où la couleur est différente de celle du corps.	
Essaouda (la noire)	- Un noir foncé avec des pattes de couleur blanche.	
El Zagbaa	- Un marron foncé avec des pattes de couleurs blanches.	
El zarkaa (le bleu)	- Un bleu foncé qui se dérive vers le noir.	
El Safraa (la jaune)	Jaune bronzé (a couleur des dunes).	
El Hamra (la rouge)	- Un mélange entre le marron et le rouge.	
El Baida (la blanche)	- Une couleur blanche neige.	Adnane et Zohir (1990).
El Wadha ou Magatair	- Blanche.	
Chakha	- Rouge clair	
Zarka	- Grise	
Chaala	- Un marron rouge	
Malha ou Mahgim	- Noire	
El Hamra	- Rouge	
El Safra	- Marron.	Sahara Sud-Oriental Bouregba et Lounis (1993).
El Ahdjel	- Bras de couleur blanche, les autres parties du corps sont rouges.	
El Zarka	- Pelage rouge, les boues de l'oubar sont noires.	
El Hadjla	- Corps rouge, pattes blanches.	
El Arkam	- Blanche avec le jaune.	
El Beydi	- Rouge foncée.	
El Achaal	- Entre jaune et rouge.	
El Khoare (fauve)	- Un gris clair	
El Chakraa	- Un jaune brillant à blanc.	Ayad (1996).
El Hammay	- Entre le noir et le blanc.	
El Zaghma (Sammounar ou Samoukaila)	- Couleur qui ressemble aux flammes de feu.	
El Chahba (el chaaba)	- Jaune foncé	
El Dakhna	- Couleur très foncée mais elle n'est pas noire.	
E-Zarkaf	- Un blanc avec des taches d'une autre couleur (robe pie).	
El Harcha	- Couleur jaune.	
El Athra	- Un jaune brillant.	
El Ranbi	- Couleur de sable de REG (ressemble à celle du lapin sauvage du Sahara).	
El Khouar	- Un oubar frisé quelle que soit la race.	

3.4. Morphologie du dromadaire

3.4.1. Morphologie générale

Wilson (1989) indique que le dromadaire est très distinct des autres animaux domestiques notamment par la présence d'un long cou, d'une bosse et de callosité au niveau du sternum. Sa taille varie de 220 jusqu'à 250 cm et son poids de 400 à 1100 kg selon les races et une espérance de vie de l'ordre de 25 ans.

La plupart des mammifères vivant dans les zones désertiques se protègent de la chaleur et de la sécheresse en s'enfouissant dans le sol pendant les heures chaudes. Il est bien évident qu'un animal de la taille du dromadaire ne saurait satisfaire une telle exigence, raison pour laquelle l'animal possède d'autres caractéristiques physiologiques qui lui permettent de s'adapter à ces conditions. Il possède une tête large, un cou fin et long, de petites oreilles, des yeux larges sciants, les sinus sont amples et profonds. Le dromadaire présente un sac sinusal aveugle latérale qui n'est observé chez aucune autre espèce ; une telle anatomie lui permet de récupérer une part très importante de l'eau au moment de l'expiration par les voies nasales, une lèvre supérieure divisée et très sensitive, une lèvre inférieure large et pendante, ses membres sont très puissants et la peau est épaisse.

L'un des éléments anatomiques qui distingue nettement le dromadaire des autres ruminants est la nature de son pied qui est large et élastique bien adapté pour les sols sableux. La bosse n'est qu'un tissu adipeux blanc et de consistance douce susceptible de varier en volume en vertu de l'état nutritionnel de l'animal. Selon Kayouli et *al.*, (1995) et Jouany (2000), l'anatomie digestive du dromadaire diffère de celle des autres animaux quant à la structure et fonction ; elle a la particularité de valoriser les ressources végétales naturelles des zones désertiques.

3.4.2. Couleurs de la robe

La couleur de la robe rentre dans le standard de certaines races animales. Chez les bovins, elle est souvent une caractéristique de l'apparence raciale d'un animal (Girardot et *al.*, 2003). Les dromadaires sont représentés par plusieurs populations qui existent dans toute l'Afrique du nord (Ben Aissa, 1989 ; Hermas et *al.*, 1998). Il existe en Algérie sept couleurs de robe (La blanche, le rouge, le marron, le rouge claire, la grise, le marron rougeâtre et la pie tachetée) pour les populations camelines ; celles-ci se distinguent d'une région à une autre ce qui permet à la majorité des éleveurs de les utiliser comme un facteur de classification (Tableau 6).

Tableau 6 : Les différentes couleurs de la robe du dromadaire en Algérie

Appellations	couleurs de la robe	Caractéristiques
Hamra	<ul style="list-style-type: none"> - Couleur marron rougeâtre. - Pelage brun uniforme. 	<ul style="list-style-type: none"> - Très appréciée par les éleveurs pour des raisons esthétiques et religieuses, - Dominante en Algérie (30% de l'effectif) (Cherifi <i>et al.</i>, 2013) figure 11 photo (1). - Les chamelles rouges sont les plus recherchées.
Safra	<ul style="list-style-type: none"> -Jaune bronzé prend la couleur de sable du désert. -pelage de couleur jaunâtre clair uniforme 	<ul style="list-style-type: none"> -Prend la couleur jaune et la concentration de couleur. Elle est hétérogène sur l'ensemble du corps. -Représente 27.5% du cheptel algérien. (Cherifi <i>et al.</i> 2013) (figure 11 photo 2).
Chegra	-Pelage de couleur rougeâtre clair Mélange entre le jaune et le rouge.	Moins appréciée par les éleveurs, elle constitue 11% du cheptel camelin algérien (Cherifi <i>et al.</i> , 2013) (figure 11 photo 3).
Baydha	<ul style="list-style-type: none"> - Couleur extra blanche. Un pelage gris très clair ou blanc 	<ul style="list-style-type: none"> ils sont très sensibles aux maladies, comportement parfois agressif, Ils représentent 7,5% de l'effectif (Cherifi <i>et al.</i>, 2013) (figure 11 photo 4).
Hadjla	<ul style="list-style-type: none"> -Rouge claire avec une couleur blanche très apparente sur les membres. -Une tête et des membres de couleur blanche et une nuance jaunâtre sur le reste du corps. 	très appréciée esthétiquement (9,5 % de l'effectif) (Cherifi <i>et al.</i> , 2013) (figure 11 photo 5).
Zarga	<ul style="list-style-type: none"> -Rouge avec des poils à extrémités noires. Pelage totalement noir moins 	7,5% de l'effectif (figure 11 photo 6).
Zerwala	-C'est une alternance du blanc avec d'autres couleurs et les yeux blancs. un pelage qui est un mélange de blanc noir et bleu (hybride).	peu apprécié par les agriculteurs, ce dromadaire présente une grave forme de surdité (Cherifi <i>et al.</i> , 2013) (figure 11 photo 7).

3.4.3. Dénomination socio-géographique

Plusieurs noms socio géographiques ont été répertoriés dans chaque région pour la distinction entre les différents types de camélins exploités. Les noms des populations sont liés à la zone géographique ou la tribu qui leur est attachée. En effet, les populations camelines en algérie appartiennent à neuf rameaux géographiques : Tergui (Harek, 2008) (Figure 12, Chameau de la steppe (figure 13 photo 1), Reguibi (figure 13 photo 2), Azwak et Ouled Sidi Chikh (Moussi, 2010) et Sahraoui, Chaambi, Ait Kebbach, Barbari et Ajjer.

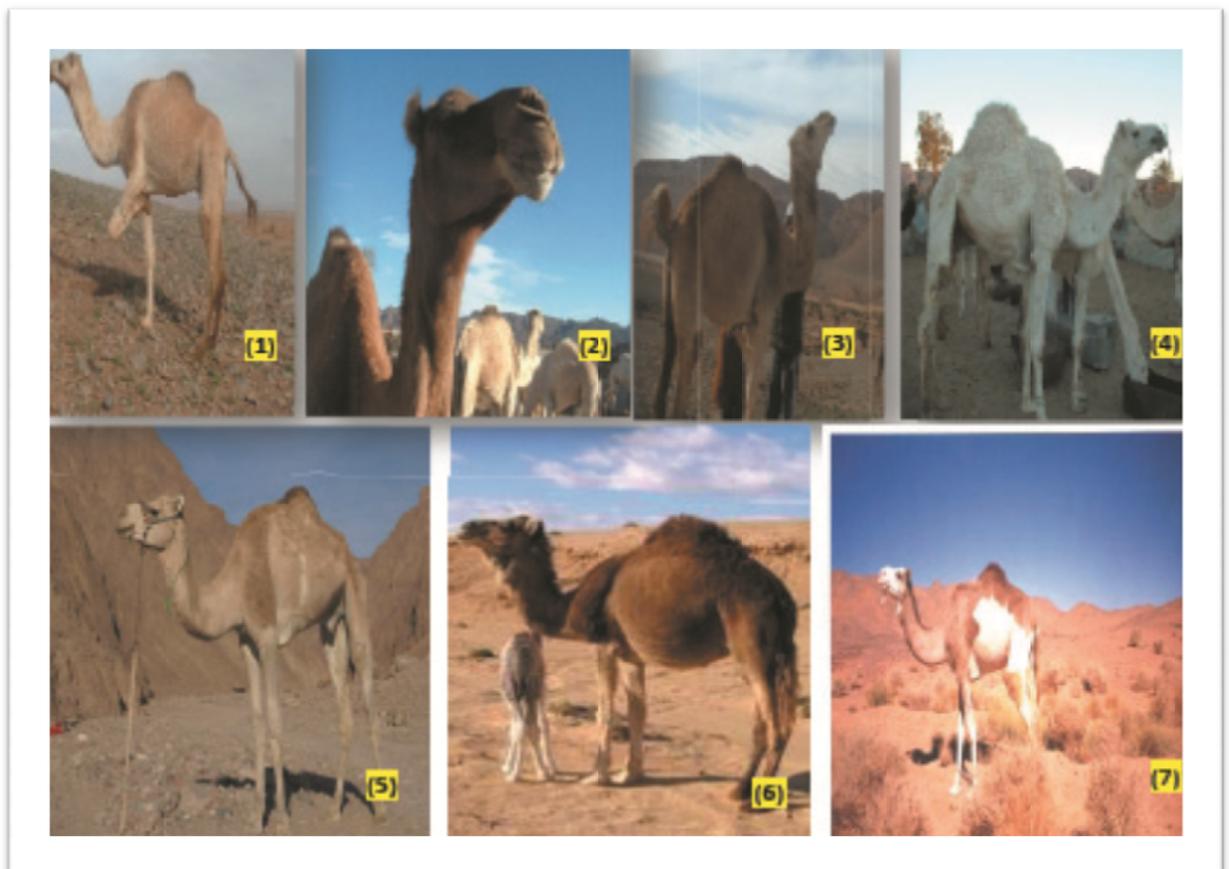


Photo Cherifi, 2013

Figure 11 : Les différents types de morphologie du dromadaire



Photo Harek, 2012

Figure 12 : Les différents ecotypes de la population "Tergui"

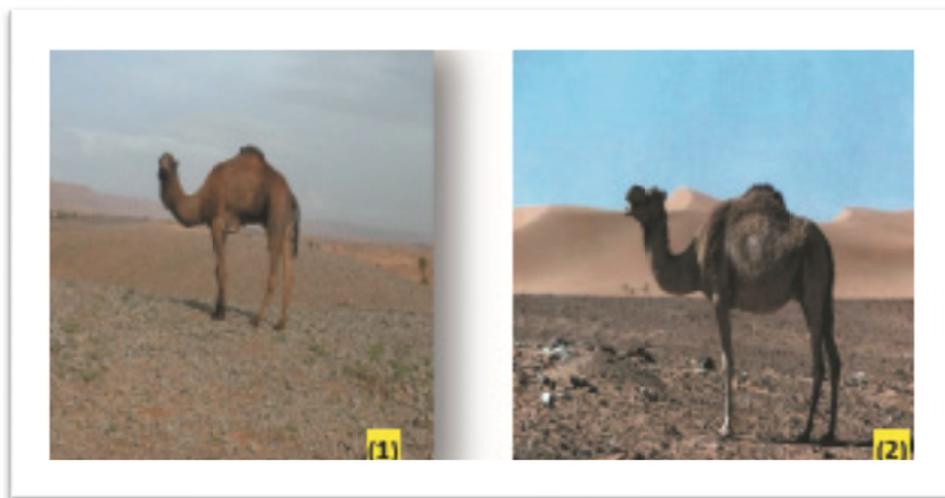


Photo Harek, 2012

Figure 13 : Les différentes populations du chameau de la steppe et Reguibi

CHAPITRE II : IMPORTANCE DE L'ÉLEVAGE CAMELIN ET SYSTEMES DE PRODUCTION

Les systèmes d'élevage dans les parcours sahariens posent des problématiques complexes englobant aussi bien la question des effets des changements sociaux et l'évolution des pratiques des systèmes d'élevage pour une bonne rentabilisation de ses produits sur le plan zootechnique. Les rapports entre ces deux aspects ne doivent être pas analysés comme étant la conséquence d'une évolution conjoncturelle mais ils doivent être replacés dans le processus d'évolution de l'élevage. Pour s'adapter aux conditions désertiques d'une extrême rigueur, l'homme a besoin d'un animal capable de valoriser les maigres végétations dans les régions de parcours sahariens. Lhoste (2004) a rapporté que les zones sèches sont souvent consacrées principalement à des activités pastorales. L'élevage des herbivores domestiques, dans des systèmes pastoraux extensifs, y joue en effet un rôle essentiel pour exploiter des ressources naturelles limitées et pour permettre la survie des populations concernées. Ces régions sont aussi sujettes à des évolutions importantes liées à l'accroissement démographique humain et animal et aussi à divers enjeux économiques et politiques. La pression anthropique et les charges animales tendent en effet à y augmenter rapidement malgré la précarité et la fragilité des ressources naturelles, entraînant un impact parfois négatif sur l'environnement. Ces zones sont aussi l'objet de compétitions quand à l'utilisation des ressources naturelles entre différents groupes (éleveur-agriculteur), ce qui constitue une autre source d'insécurité qui s'ajoute au risque climatique et écologique pour les sociétés pastorales. Par ailleurs, Le Houerou (2005) a signalé que la viabilité des activités pastorales dans ces zones sèches pose des problèmes de nature diverses : politique, sociologique, agraire, commerciale, économique, organisationnelle, législative, technique et environnementale.

Les rapports entre l'homme et le dromadaire sont à la base de la formation du phénomène de l'élevage camelin et ne peuvent en aucun cas être relégués au second plan dans toute réflexion sur l'évolution de cette pratique ancestrale et fondamentale. La nécessité d'accorder un intérêt particulier au dromadaire se pose avec plus d'acuité au moment où la société pastorale algérienne et la société des éleveurs traverse une mutation profonde qui aura des conséquences sur le devenir de la pratique de l'élevage camelin. Soumise aux effets des changements induits par la mise en œuvre des projets de modernisation, cette société est entrée dans une phase d'évolution annonciatrice d'une restructuration des systèmes qui la composent. S'agissant de l'élevage camelin, les interrogations se posent au sujet des effets des changements en cours sur les systèmes d'élevage hérités des générations antérieures. Malgré sa remarquable adaptation aux conditions désertiques, le dromadaire demeure un animal qui présente de nombreux handicaps notamment sur le plan zootechnique. La chamelle reste un animal à faible productivité. L'intervalle entre deux mises-bas est de 24 à 26 mois et le taux de fécondité varie entre 30 à 50 %. Elle est caractérisée par une maturité sexuelle tardive. La première mise-bas survient entre 3 et 4 ans chez la jeune femelle. Sa longévité est d'environ 50 ans et la production laitière moyenne est nettement inférieure à celle des autres animaux domestiques (Ould Taleb, 2000).

1. Importance socio-économique du dromadaire

Le secteur d'élevage des dromadaires constitue en Algérie une partie de l'économie nationale. Cet élevage a toujours été présenté comme un important moyen de subsistance pour les populations des régions sèches. Le dromadaire est en effet, la seule espèce qui continue à produire du lait en qualité et quantité même en période de sécheresse. L'image du dromadaire reste le symbole de la survie de l'homme dans le désert et de son maintien dans ces régions hostiles. Cependant les atouts du dromadaire ne se limitent pas seulement à la dimension socioéconomique, mais aussi au rôle d'équilibre écologique important qu'il joue dans les écosystèmes des régions arides et semi arides.

1.1. Valeur socio-économique

Le secteur de l'élevage constitue un pilier essentiel de l'économie nationale et internationale, à travers la satisfaction des besoins en produits animaux des populations rurales et urbaines. L'importance esthétique, récréative et patrimoniale a depuis longtemps été soulignée par divers biologistes. Elle est difficile à évaluer en termes monétaires. Une enquête réalisée en 1997 a évalué les services rendus par la biodiversité à 33000 milliards de dollars ; par comparaison, le produit national brut (PNB) de l'ensemble des pays serait seulement de l'ordre de 18000 milliards de dollars (Dajoz, 2008).

L'élevage du dromadaire, lié à l'exploitation des ressources agropastorales, joue un rôle vital dans l'agriculture et l'économie de notre pays. La contribution de cette activité se situe à plus de 50 % de la valeur ajoutée du secteur agricole dans la formation du PIB de l'agriculture (Bessaoud et al., 2000). Cet élevage a toujours représenté un important moyen de subsistance pour les populations des régions sahariennes. Il constitue la principale ressource de ce territoire et apporte sa contribution à l'économie nationale par ses produits diversifiés, les emplois et les revenus qu'il génère.

L'élevage du dromadaire est attachée à l'histoire des grandes civilisations nomades des régions sèches et chaudes caractérisées par une longue période défavorable souvent supérieure à huit mois et par des précipitations rares et faibles comprises entre 50 et 550 mm par an. Le dromadaire représente l'un des fondements de la culture et de l'agriculture des sociétés concernées. D'une manière générale, le dromadaire est très estimé et il représente pour son propriétaire la concrétisation de sa réussite sociale (Ramet, 1993). L'élevage camelin a connu un essor important avec le transport caravanier qui lui a valu la dénomination de "vaisseau du désert". Cependant, en raison des progrès réalisés dans la mécanisation et la sélection génétique chez les autres ruminants, l'élevage camelin fut non rentable et abandonné dans plusieurs régions. Néanmoins, durant ces dernières décennies, avec la sécheresse et l'avancée du désert, l'élevage du dromadaire ne cesse de progresser et les effectifs augmentent régulièrement. Ainsi, si on considère le poids total des herbivores domestiques ou la biomasse d'herbivores domestiques (BHD), la part représentée par les dromadaires selon Wardeh (2004) est plus de 26 % de la BHD en Mauritanie, 42 % en Somalie et de 37 % aux Emirats Arabes Unis.

Dans les deux premiers pays, les dromadaires ont maintenu leur rôle socio-économique important et constituent une grande part des exportations animales alors qu'aux Emirats Arabes Unis, les dromadaires sont devenus insignifiants économiquement en comparaison avec le secteur pétrolier. En revanche, les dromadaires ne représentent que 10 % de la biomasse animale au Niger, 11 % au Soudan, 16 % dans le Royaume de l'Arabie Saoudite et 9 % en Tunisie. La biomasse de dromadaires dans les autres pays est en dessous de 10 %.

1.2. Importance économique et alimentaire

L'homme est un élément de la nature; il dépend de la biodiversité et il ne cesse d'interférer avec elle où il épuise ses ressources alimentaires. Les animaux domestiques, éléments de cette biodiversité, contribuent de façon essentielle à la production alimentaire pour 30 % de la valeur totale de la production agricole et alimentaire (FAO, 1999). Ils sont indispensables pour la durabilité des systèmes de production, les matières premières nécessaires à la vie de l'homme (protéines et micronutriments) (Ould Ahmed et *al.*, 2009^b), de nombreux médicaments, des ressources esthétiques et patrimoniales. Le maintien de la biodiversité animale renforce la sécurité alimentaire face à des perturbations économiques et écologiques permettant ainsi aux populations de s'approvisionner en biens de consommation alimentaire.

1.3. Importance écologique du dromadaire

La présence des dromadaires est nécessaire au maintien de l'équilibre écologique des zones pastorales arides et à la préservation de certains écosystèmes grâce à leurs atouts spécifiques. La morphologie et la physiologie du dromadaire lui permettent de s'adapter aux écosystèmes désertiques (Narjisse., 1989). En effet, ses soles plantaires, molles et plates, préservent la structure des sols et le piétinement a une faible incidence sur le couvert végétal contrairement aux autres ruminants qui possèdent des sabots durs. Le dromadaire, par son mode de préhension, évite le surpâturage. Ainsi, il contribue à conserver les écosystèmes extrêmement fragiles que sont les déserts.

Le dromadaire s'accommode des ressources alimentaires de faible valeur pastorale. Il ménage la végétation grâce à son broutage rationnel et par les prélèvements sélectifs des espèces et de très faibles quantités de prises. Il peut également valoriser des plantes ligneuses et épineuses rejetées par les autres herbivores bien que les prises soient lentes et de faible quantité. Ceci permet le maintien de certaines espèces végétales capables de stabiliser et de fixer les dunes et de lutter ainsi contre l'ensablement. Ould Taleb (1999) rapporte que les dromadaires transportent les semences extrêmement loin. L'auteur a constaté des plants de plusieurs genres poussés sur les crottes de dromadaire. Se déplaçant sur de longues distances, le dromadaire comme beaucoup d'herbivores véhicule ainsi les semences plus loin que leur lieu d'origine et par conséquent, il participe à la dissémination des graines de certaines espèces pastorales. Le dromadaire est, sinon utile pour lutter contre la désertification, du moins ne la favorise-t-il pas vu le caractère extensif de son élevage traditionnel, à l'inverse des troupeaux de bovins, de caprins et d'ovins, beaucoup plus destructeurs du couvert végétal (piétinement, broutage, etc.).

Le dromadaire peut rester de longues périodes sans boire et peut de ce fait pâturer à des endroits où l'herbe est abondante mais où les points d'eau font défaut. Cela permet au dromadaire de se déplacer sur un rayon de plus de 80 km autour d'un point d'eau contrairement aux bovins qui sont contraints, eux, de se tenir au maximum à 40 km d'un puits du fait de leurs abreuvements rapprochés (environ tous les 2 jours au maximum). Cette aptitude évite la concentration du cheptel camelin aux alentours des puits et dans les parcours d'où une meilleure répartition de l'habitat en dehors de la saison sèche qui entraîne un effet bénéfique sur la végétation des zones non pâturées.

1.4. Importance agricole

La structure spatiale des écosystèmes est de plus en plus simplifiée avec la perte des espèces qui peut avoir des conséquences graves dans le domaine agricole. Il existe plus de 250 000 espèces de plantes connues ; parmi celles-ci, 30 000 peuvent être comestibles et 7 000 ont déjà été récoltées ou cultivées.

Le bétail transforme le fourrage et les sous-produits agricoles non comestibles pour l'homme en produits agricoles ayant une importance nutritionnelle. Dans les zones arides, le bétail constitue non seulement une source d'alimentation, mais aussi la principale activité génératrice de revenus, permettant ainsi aux populations d'occuper ces régions (Ould Ahmed et *al.*, 2009^b).

1.5. Importance médicale

De nombreuses molécules actives ont déjà été extraites de divers organismes et d'autres font l'objet de recherches chez beaucoup d'organismes. De 40 à 70% des médicaments actuels sont soit des substances naturelles, soit dérivés de ces substances (Newman et *al.*, 2003). Chez le dromadaire, de nombreuses études sont menées sur l'action anti leucémique du lait de la chamelle et de son urine (Al-Yousef et *al.*, 2012).

2. Systèmes d'élevage camelin

Depuis très longtemps, l'Algérie est considérée comme un pays de tradition pastorale dominé par le système d'élevage pastoral extensif. Ce système a connu une évolution considérable depuis quelques années. Du système pastoral nomade, on a assisté à la mise en place de systèmes pastoraux transhumants, semi sédentaires ou des systèmes agropastoraux à élevage sédentaire associé à l'agriculture implantés surtout en Oasis, et même des systèmes extensifs urbains et des systèmes intensifs ou semi intensifs (Abaab et *al.*, 1995). Mais, si on se réfère à la littérature, on se rend compte que la typologie attribuée aux systèmes d'élevage est complexe et très diversifiée en ce qui concerne la terminologie. Dans ce contexte, les définitions données aux termes "pastoralisme", "nomadisme", "transhumance" ou "agro-pastoralisme" sont très variables et renvoient, selon les cas, à des systèmes ou des pratiques d'élevage. Pour la compréhension du fonctionnement des systèmes d'élevage, et a fortiori des systèmes d'exploitation des ressources, cette confusion permet rarement une clarification des débats et des enjeux. Il est donc nécessaire de s'entendre préalablement sur les définitions utilisées (Kaufmann, 1998).

La classification des systèmes de production animale se fait généralement selon la quantité de consommation des intrants et par le matériel génétique utilisé (systèmes extensif, semi-intensif et intensif). Cette classification peut se baser également sur le mode de contrôle, la mobilité et les niveaux de performances.

Il existe en Afrique deux types de systèmes d'élevage suivant le mode de contrôle des troupeaux (Sgheir, 2005). La pratique libre (Hmil) où les troupeaux restent une longue période sans gardiennage. Les éleveurs attendent leurs troupeaux aux points d'eau fixes, souvent en saison de naissance ou la période de contrôle sanitaire. Le système contrôlé où le troupeau est gardé et assisté par un chamelier. Les déplacements et le choix du parcours sont contrôlés par le gardien. Les pratiques de naissances, les traitements sanitaires et l'abreuvement sont aussi assistés. Dans le système contrôlé, la taille moyenne du troupeau varie d'un pays à l'autre en Afrique (de 20 à 100 têtes par troupeau). En général, le chamelier garde en moyenne 50 à 80 têtes. Ce système d'élevage est pratiqué dans les pays où le parcours est limité et l'élevage joue un rôle économiquement intéressant. L'exemple de ce système est celui existant en Afrique du Nord (Algérie, Tunisie, Libye et Maroc). Naturellement et historiquement, les systèmes d'élevages sont extensifs et migratoires. En effet, l'élevage permet de maintenir les populations pastorales dans des zones qualifiées de marginales où les opportunités économiques sont souvent limitées. La vulnérabilité et la fragilité du milieu imposent aux pasteurs de mettre en pratique des systèmes d'élevage pastoraux extensifs avec un haut degré de mobilité, en suivant les ressources fourragères et l'eau là où elles sont disponibles. Les systèmes d'élevage sont déterminés généralement par les conditions climatiques, la topographie, le couvert végétal, les ressources en eau et les normes socioculturelles (Jasra et Mirza, 2005).

Les dromadaires sont élevés selon trois systèmes d'élevage : sédentaire, nomade et transhumant. Compte tenu des zones écologiques dans lesquelles ils vivent, les deux derniers systèmes sont les plus fréquents avec toutefois la prédominance du mode transhumant (Ben Aissa, 1989). La principale contrainte climatique dans les zones arides et semi-arides est la très longue période de sécheresse. Les écosystèmes se caractérisent également par de fortes variabilités dans le temps et dans l'espace et par conséquent une variation de la production de biomasse. Les systèmes pastoraux et agropastoraux des régions marginales du Maghreb connaissent des changements fondamentaux qui agissent à la fois sur l'économie et les écosystèmes (Abaab et *al.*, 1995). Les conséquences sur l'élevage sont la très faible production de biomasse pour les pâturages, l'incertitude locale au sujet de la disponibilité des pâtures et la rareté des points d'eau.

2.1. Systèmes migratoires

Le terme "pastoralisme" fait référence aux modes de conduite des troupeaux en dépendance avec les ressources herbagères naturelles, donc aux systèmes où l'élevage est pratiqué, comme activité principale, de manière extensive avec un faible intrant, sans pratiques de cultures fourragères.

Il s'agit d'une forme d'élevage en troupeaux, composés de différentes espèces. Le mode d'alimentation constitue la référence principale où les systèmes d'élevage mobiles se caractérisent par des déplacements annuels ou saisonniers d'une partie ou de tout le groupe familial avec le bétail vers de nouveaux pâturages selon les disponibilités en eau et les ressources pastorales. La mobilité doit être considérée comme une technique et elle est en fait le principe de base du pastoralisme. La mobilité est basée sur des acquis techniques dont l'expérience et le savoir-faire du berger. Il existe deux types de mobilité du bétail : le nomadisme et la transhumance.

2.1.1. Nomadisme

Les pasteurs nomades n'ont pas d'habitat fixe permanent et toute la famille suit les déplacements du troupeau, parfois sur de longues distances. Du fait de cette mobilité, les nomades pratiquent peu d'activité agricole, voire aucune. Le nomadisme est défini comme un ensemble de déplacements irréguliers anarchiques entrepris par un groupe de pasteurs d'effectifs variables dans des directions imprévisibles. C'est une pratique opportuniste, dans les régions les plus arides où les précipitations sont rares. Il y a une régression de ce type de mobilité, mais parallèlement, une transformation dans la nature de ces déplacements demeure indispensable dans bien des systèmes (Abaab et *al.*, 1995).

2.1.2. Transhumance

La transhumance fait référence à une pratique de déplacement des troupeaux, saisonnier, pendulaire, selon des parcours bien précis, répétés chaque année (Faye, 1997). Elle existe sous diverses modalités et au sein de différents types de systèmes d'élevage pastoral en fonction des objectifs donnés par les éleveurs. Parfois, les routes de transhumance sont modifiées chaque année, en fonction de la disponibilité en pâturage et des conditions d'accès aux ressources. Le système transhumant est extensif basé sur l'utilisation presque exclusive des ressources des parcours et les troupeaux sont souvent confiés à des bergers. Le savoir-faire du berger est basé sur la tradition, ce qui est un atout en termes de connaissance d'utilisation du milieu naturel, mais qui est insuffisant en terme de zootechnie. Les problèmes sont donc liés à l'insuffisance ou à la baisse de qualité saisonnière des disponibilités fourragères, ou au défaut de suivi du troupeau, sur le plan de l'alimentation, de la reproduction et de la santé.

2.1.3. Systèmes sédentaires

La "sédentarisation" est parfois utilisée pour décrire un processus d'évolution et d'adaptation des populations nomades qui réduisent l'amplitude de leurs déplacements et incluent des pratiques agricoles dans leurs activités (Kaufmann, 1998). Par ailleurs, Bourbouze (2006) considère que l'élevage sédentaire signifie que les troupeaux se déplacent souvent sur de longues distances, mais qu'ils reviennent chaque soir au village.

Faye (1997) a signalé que les grandes agglomérations de la zone saharienne et subsaharienne ont vu se développer de façon importante depuis quelques années, un système camelin laitier péri-urbain basé sur l'intensification de la production tel qu'un système sédentaire avec une complémentation alimentaire importante et une intégration économique du dromadaire. En Mauritanie, la *laiterie de Mauritanie* propose à la vente du lait de chamelle pasteurisé pour le marché urbain de Nouakchott. En Arabie Saoudite, la laiterie *Mujahim* a développé une production de lait et commercialise chaque jour plus de 1500 litres de lait de chamelle. Cependant, dans ce cadre aussi, on assiste à des échanges importants entre les systèmes péri-urbains et pastoraux. Par exemple, dans la périphérie de *Laâyoune* et de *Dakhla* dans les provinces Sud du Sahara Occidental, les élevages camelins laitiers se sont multipliés depuis quelques années, à partir d'une partie des troupeaux nomades sahraouis. Les femelles laitières et les chamelons de l'année sont sédentarisés autour des villes tandis que le reste du troupeau (femelles tarées, mâles et jeunes impuberts) continue d'exploiter les vastes étendues désertiques de l'intérieur.

En algérie, Ben Aissa (1989) a noté l'évolution d'un nouveau mode d'élevage ou plutôt d'exploitation des dromadaires. Il s'agit de l'engraissement dans des parcours délimités en vue d'abattage. Les exploitants s'organisent pour acquérir les dromadaires dans les zones de production et les transportent par camion vers les zones d'engraissement où ensuite ils sont abattus. Ce système semble se développer ces dernières années, suite à l'augmentation des prix des viandes rouges. Bien que très particulier, on peut intégrer dans les systèmes intensifs, les élevages d'animaux destinés à la production laitière. Le dromadaire est capable de céder aux exigences de la "modernité" en élevage et de subir une intensification de sa production pour satisfaire aux demandes croissantes des populations urbaines des zones désertiques et semi-désertiques. Il bénéficie de plus d'un préjugé favorable de par son image d'animal des grands espaces même si le mode d'élevage intensif le rapproche de plus en plus des autres espèces. Cette capacité à répondre aux défis alimentaires du monde moderne lui donne une place prometteuse dans les productions animales de demain (Faye, 1997).

3. Performances et traits des troupeaux

Peu d'études se sont intéressées à l'évaluation des niveaux de performances des camelins par système d'élevage, en tenant compte des différentes sources de variation. Les données fragmentaires restent d'une portée limitée et manquent souvent de précision, à l'exception de certaines unités installées dans différentes régions du Sud et où les animaux sont soumis au contrôle de performances. Le potentiel de production des camelins diffère selon les systèmes d'élevage comme chez les autres espèces animales d'élevage. Mais il n'est pas juste de dire à quel niveau ces fluctuations de la production résultent de facteurs génétiques ou environnementaux (Faye, 1997).

3.1. Performances reproductives

La reproduction est un créneau clé qu'il faut maîtriser pour la réussite de tout élevage. Les principaux paramètres de reproduction sont obtenus généralement à partir des enquêtes ou des études expérimentales portant sur des échantillons de petites tailles. Les femelles ne sont capables de concevoir qu'à partir de 3 ans ; elles sont rarement mises à la reproduction avant 4 ans ce qui permet une mise bas vers 5 ans. Les jeunes femelles âgées de 2 ans et ayant un poids supérieur à 280 kg (70 % du poids de la chamelle adulte) peuvent être saillies et mettre bas sans aucun problème (Moslah, 1990). Chez le mâle, les premières saillies peuvent être assurées à partir de 3 ans d'âge mais la pleine maturité n'est atteinte que vers l'âge de 6 ans. Khanna et al. (1990) rapportent que l'amélioration des connaissances de base concernant les paramètres de reproduction ainsi qu'une meilleure maîtrise des pratiques permettent sensiblement de diminuer l'âge à la mise à la reproduction. Dans les conditions traditionnelles, la majorité des mise bas s'espacent d'un intervalle supérieur à 24 mois (Khanna et al., 1990; Karimi et Kimenye, 1990 ; Saley, 1990; Saint-Martin et al., 1990). En revanche, pour diminuer cet intervalle, Moslah (1990) a montré que la technique de l'allaitement artificiel est efficace ; en séparant le chamelon de sa mère, on obtient un intervalle entre mise bas plus réduit (403 jours). Il découle de ces considérations des taux de fécondité faibles ne dépassant que rarement 40 % (Saint-Martin et al., 1990). D'une manière générale, les performances reproductives du dromadaire restent encore faibles. Elles ne dépassent guère les 40-45 % par an; les raisons sont multiples et sont essentiellement d'ordres physiologiques et nutritionnels (Moslah et Megdiche, 1989).

3.2. Performances laitières

D'une façon générale, les camelins ne sont pas considérés comme producteurs de lait ; l'excédent de la traite de lait n'est utilisé que pour l'autoconsommation. La production de lait entre pour la majeure partie dans l'alimentation des bergers et des nomades isolés dans les parcours (Guerradi, 1998).

Selon Faye (2004), les données de la littérature sur la productivité laitière de la chamelle sont relativement rares et essentiellement issues d'observations réalisées en station, beaucoup plus rarement en milieu pastoral. Par ailleurs, les règles de mesure ne sont jamais mises en œuvre de façon homogène d'un auteur à l'autre (quantité moyenne quotidienne, quantité totale, quantité par an, moyenne de troupeau, etc.), de ce fait, les comparaisons sont quelquefois acrobatiques. On constate, par ailleurs, une très forte variabilité des productions déclarées laissant supposer un potentiel de sélection sur ce critère tout à fait envisageable, mais rarement entrepris à l'exception de travaux de l'époque soviétique en Asie centrale. Le même auteur rapporte que la production mondiale de lait de chamelle est estimée officiellement à 1,3 million de tonnes en 2002.

Selon des différents travaux, le rendement en lait par lactation est compris entre 600 kg en Afrique du Nord-Est (Hussein, 1989) et 4500 kg en Arabie Saoudite (Sooud, 1989). Mais, il peut atteindre 7 000 à 12 000 litres selon certaines sources en Asie du Sud (Faye, 2004). La durée de lactation varie de 6 à 18 mois (Hussein, 1989; Sooud, 1989). Ces durées sont plus importantes en moyenne que

chez les vaches laitières dans les mêmes conditions (Faye, 2004). La production journalière moyenne semble se situer au voisinage de 1 à 6 litres en élevage extensif traditionnel (Hussein, 1989; Ben Aissa, 1989; Saley, 1990; Diallo, 1989; Moslah et Megdiche, 1989). Selon Faye (2004), la courbe de lactation est comparable à celle des bovins avec une meilleure persistance. Les facteurs alimentaires et saisonniers influent évidemment sur ces performances. Rapportée au poids vif de l'animal, la productivité laitière des chamelles (250 kg/Unité Bétail Tropical/an) est supérieure à celle des petits ruminants (220 kg) et à celle des zébus (100 kg).

Wilson (1984) indique que les estimations de durée de la lactation varient de 9 à 18 mois et le rendement total de lactation se situe entre 800 et 3600 litres. Ces chiffres traduisent des rendements quotidiens de 2,8 et 11,0 litres. Alshaikh et Salah (1994) ont étudié l'effet de l'intervalle de traite sur les taux de sécrétion du lait et ses constituants chez quatre chamelles en fin de lactation. Un intervalle de 4 h produit le taux de sécrétion de lait plus élevé comparativement à 8, 12 et 16 heures d'intervalle et les taux ont tendance à diminuer avec l'augmentation des intervalles de traite. Les taux de matières organiques (lactose, SNF, graisses et protéines) et des constituants inorganiques du lait (sodium, potassium, calcium et magnésium) suivent généralement des modèles semblables, soit une diminution des intervalles avec l'augmentation de la sécrétion de la traite suivante. Un grand nombre de valeurs pour les différents intervalles sont significativement différentes. Parallèlement, Fida (1999) a signalé que la production de lait était plus élevée en hiver qu'en été avec une traite / jour. L'âge au sevrage se situe entre 8 et 10 mois (en moyenne 9 mois). La période de gestation est de 393 jours et l'intervalle entre les vêlages est compris entre 713 à 727 jours (en moyenne 720 jours). L'âge à la première reproduction chez les mâles est en moyenne de 1155 jours (1080 à 1 210 jours) ; Il varie chez les femelles de 1100 à 1130 jours (en moyenne 1155 jours). En station expérimentale, Kamoun (1995^b) observe que la chamelle donne en moyenne 9 kg de lait par jour pendant une durée moyenne de lactation de 10 mois avec un pic de lactation vers le 3^{ème} mois. La production dépend de plusieurs facteurs tels que le type génétique, l'âge, le stade de lactation, la saison et la fréquence d'abreuvement (Hussein, 1989 ; Diallo, 1989 ; Moslah et Megdiche, 1989). Les études concernant l'évolution de la quantité de lait produite en fonction du stade indiquent que la meilleure production est enregistrée entre le 2^{ème} et le 3^{ème} mois de lactation (Faye, 1997). Les chamelles qui mettent bas durant la saison d'abondance pastorale donnent un rendement laitier plus intéressant et plus stable que celles mettant bas durant la saison sèche. Ce facteur est reconnu par les éleveurs et l'utilise pour leurs élevages et les activités de la sélection (Hussein, 1989).

La pratique de la traite conditionne la quantité de lait récoltée, mais également les conditions de traite dans les conditions traditionnelles méconnues. Kamoun (1995^b) rapporte une augmentation de la production laitière avec la fréquence de traite. Ainsi, le passage de deux traites (5,24 kg/jour) à trois traites (7,12 kg/jour) augmente la production journalière de 28,5 % et celui de trois traites à quatre traites (8,19 kg/jour) n'augmente la production que de 12,5 %.

La variation de quantité produite de lait peut être expliquée par le fait que la plupart des observations ont été menées sur des animaux possédant un potentiel génétique non homogène et soumis à des conditions climatiques et alimentaires très différentes. Le lait de chamelles dans le

milieu pastoral est simplement autoconsommé ou laissé au profit des jeunes chamelons (Faye, 1997).

3.3. Croissance et production de viande

La viande est la principale production cameline en algérie ; elle reste un pourvoyeur essentiel en protéines animales des populations sahariennes. Celle-ci est très appréciée par les populations nomades. Selon Wilson (1984), souvent il est connu une certaine réticence à la consommation de la viande de dromadaire, en particulier dans les pays en développement dans lesquels la viande cameline pourrait contribuer à la disponibilité en protéines. Il est probable que les préférences pour la viande de bovins à celle du dromadaire est du même ordre que les préférences pour celles des ovins par rapport à celle de la chèvre. Les différences sont plus psychologiques que réel. La viande de dromadaire pourrait être plus douce et plus grossière, mais peu de gens remarque cette différence. Le goût est très subjectif et est du à la préférence individuelle. Le problème lié à la production de viande concerne le manque de quantités de viande consommée. Wilson (1984) rapporte également que les données sur la conduite des troupeaux et sur les aspects animaux de boucherie sont difficiles à trouver. Pour leur part, Yousif et Babiker (1989) montrent que le poids chez le dromadaire adulte oscille entre 350 et 700 kg selon le type et le sexe. Le rendement en carcasse varie de 45 à 55 % en fonction du type et de l'âge. Dans les mêmes conditions d'élevage, le rendement carcasse des dromadaires est supérieur de 1,5 à 2,5 % à celui des bovins. En conséquence, le poids des carcasses varie entre 150 et 300 kg, mais il peut atteindre 400 kg chez les animaux lourds de la région Somali (Hermann et Fisher, 2004) et surtout chez les dromadaires d'Asie et le chameau de Bactriane, en général plus lourds (Kadim *et al.*, 2008).

Une des particularités de la carcasse de dromadaire est la présence de la bosse où se concentre l'essentiel des réserves adipeuses (en moyenne 75 à 85 %) et dont le poids varie entre 3 et près de 100 kg, soit une part importante de la carcasse : de 8 à 25 % selon l'état d'embonpoint (Kamoun, 1995^a ; Kamili *et al.*, 2006) . La proportion de muscle dans la carcasse est comparable à celle des bovins (Mahgoub *et al.*, 1995). En revanche, le rapport muscle/os est plus faible que chez les bovins du fait de la taille du squelette de l'animal. Pour 100 kg de carcasse, les muscles comptent pour 57 kg, les os 25,5 kg et le gras 16,9 kg (Kamoun, 1995^a). La faible proportion de gras est remarquable et représente une caractéristique essentielle de la viande de dromadaire.

La croissance de l'espèce cameline n'a rarement fait l'objet d'une mesure objective et précise pour plusieurs raisons dont la principale est l'agressivité de l'animal. La croissance pondérale correspond à l'accroissement global du poids vif de l'animal par unité de temps. La croissance se divise en deux périodes, soit la période fœtale et la période post-natale. Au cours de la première période, la croissance pondérale est comparable à celle observée chez les bovins ; le croit est faible jusqu'au 2/3 de la gestation. A partir du 8^{ème}, la vitesse devient intéressante ; ainsi le poids du fœtus passe de 7 à 35 kg à la naissance (Kamoun *et al.*, 1989).

La deuxième période commence dès la naissance. Le poids à la naissance varie en fonction des conditions alimentaires de la mère (Kamoun *et al.*, 1989), mais surtout du génotype. Il s'établit entre 24 et 48 kg avec un poids observé sensiblement plus élevé chez les mâles (Kamoun, 1995^a). Il

s'avère aussi selon Al Mutairi (2000) que le poids à la naissance dépend de l'âge de la mère et de la saison de naissance. En Tunisie, Khorchani et *al.* (1996) ont rapporté un poids moyen des chamelons à la naissance de 31,1 kg. Hammadi et *al.*, (1998) rapportent pour un lot de 9 chamelons dont les mères recevaient pendant trois mois avant la mise bas une supplémentation d'aliment concentré, un poids moyen à la naissance de 30,3 kg alors que pour le lot témoin, le poids moyen à la naissance est de 23,4 kg. La supplémentation alimentaire a affecté significativement le poids du nouveau-né et le GMQ 0–90 du chamelon (806 g et 430 g respectivement chez les femelles supplémentées et celles non supplémentées) (Hammadi et *al.*, 2001). Par ailleurs, Khanna et *al.* (2004) ont rapporté des poids à la naissance différents selon le sexe et en fonction du type génétique. En milieu traditionnel, la croissance pondérale est faible ; les gains moyens quotidiens sont de 318 g/j et 289 g/j respectivement en saison favorable et en saison défavorable (Pacholek et *al.*, 2000). Dans des conditions améliorées en station expérimentale, le GMQ est de l'ordre de 420 g/j entre 1 et 2 ans d'âge (Kamoun et *al.*, 1989) et peut atteindre 600 g avant le sevrage et dépasser 1000 g dans les conditions les plus favorables d'alimentation pendant la phase d'élevage proprement dite (Kamoun, 1995^b).

La courbe de croissance comprend une phase initiale accélérée allant de la naissance jusqu'à un poids avoisinant les 380 kg pour les mâles et 350 kg pour les femelles, suivie d'une phase lente qui, progressivement tend vers un poids adulte de 650 kg pour les mâles et 550 kg pour les femelles. Le rendement en carcasse varie selon les types d'animaux abattus (55 à 70 %). Il diminue avec l'âge et surtout l'état d'engraissement. Il est un peu plus faible pour les femelles ; la carcasse contient en moyenne 57 % de viande, 25,5 % d'os et 16,9 % de gras (Kamoun et *al.*, 1989 et Kamoun, 1995^a).

3.4. La production d'Ouber

Le poil du dromadaire ou «ouber» est très apprécié par la population des zones arides et semi arides. Les quantités et la qualité de poils produites par dromadaire varient en fonction des populations camelines, des régions et des conditions d'élevage. Le dromadaire est tondu une fois par an, vers la fin du printemps. Les quantités de poils produites par tonte varient de 0,5 à 2,5 kg par animal. Selon Bouregba et Lounis (1992), la production moyenne est de l'ordre de 0,5-1,8 kg chez la population Sahraoui. Boubekour et Guettafi (1994) indiquent une production moyenne de 1-5 kg chez le dromadaire de la steppe. Selon Dmitriez et Ernst (1989), le poids de laine moyen des mâles est de 3,28 kg et celui des femelles de 2,10 kg et le rendement en laine pure s'établit à 78,6 %. La population locale utilise la laine de chameau pour la production de fil naturel et de vêtements tricotés.

3.5. Performance sportive

Dans les pays du Golf, en particulier aux Emirats Arabes Unis, la course de dromadaires est une véritable institution de façon similaire aux chevaux Pur-sang destinés à la même activité en Occident. Les écuries de course sont entretenues avec grand soin. L'alimentation des animaux, leur entraînement, les moyens mis en œuvre pour leur protection ou leur sélection relèvent dans tous les cas des principes d'intensification. La production de ces élevages étant la performance sportive

(Faye, 1997; Seboussi *et al.*, 2004). L'intensification de l'élevage de dromadaires de course nécessite de plus en plus le recours aux biotechnologies appliquées à la reproduction. La parfaite connaissance des particularités physiologiques est indispensable pour optimiser les interventions dans l'espèce cameline, espèce dont les mérites ne sont pas des moindres si on les compare à ceux du cheval, considéré comme l'espèce noble des pays du nord du bassin méditerranéen (Zarrouk *et al.*, 2003).

Quoiqu'il en soit, ces données fragmentaires ne reflètent pas les niveaux réels de performance de production (lait, viande, Ouber, etc.) et restent insuffisantes pour pouvoir juger ou analyser le niveau des performances des populations camelines dans l'ensemble des systèmes d'élevage. L'évaluation de la situation de l'élevage camelin s'avère nécessaire, et il est important, de déterminer les facteurs limitant son développement. Ces facteurs sont trop souvent imputés à des déficits en matière d'intéressement des éleveurs à ce type d'élevage, du potentiel génétique camelin, de la valorisation des ressources camelines et de la réglementation régissant tous les aspects liés à l'élevage et à la gestion des races.

CHAPITRE III : BIODIVERSITE ET RESSOURCES ZOOGÉNÉTIQUES

1. Importance de la biodiversité des animaux d'élevage

La biodiversité dans l'agriculture est le produit de milliers d'années d'activité au cours desquelles l'homme a cherché à satisfaire ses besoins dans des conditions climatiques et écologiques très différentes. Les animaux d'élevage ont représenté un élément essentiel des systèmes de production agricole, particulièrement important dans les environnements défavorables où les cultures sont difficiles voir impossibles. Pour les éleveurs, la diversité zoogénétique représente une ressource où puiser pour sélectionner les animaux et développer de nouvelles races. En général, les populations d'animaux d'élevage génétiquement différents, permettent aux populations d'avoir une plus vaste gamme d'options pour satisfaire les défis des années futures.

Depuis les années 60, l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) a offert son assistance aux pays afin d'identifier, de caractériser et d'améliorer leurs ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture et pour développer des stratégies de conservation. En 1990, le Conseil de la FAO a recommandé l'élaboration d'un programme global pour la gestion durable des ressources zoogénétiques au niveau mondial. La caractérisation des ressources zoogénétiques englobe toutes les activités associées à l'identification, à la description qualitative et quantitative et à la documentation des populations animales. Le but est d'obtenir une meilleure connaissance des ressources zoogénétiques, de leurs utilisations présentes et, éventuellement, futures pour l'alimentation et l'agriculture dans des environnements définis, et leur état actuel en tant que populations raciales différentes (FAO, 1984; Rege, 1992).

Au niveau national, la caractérisation comprend l'identification et les enquêtes sur les ressources zoogénétiques du pays. Le processus comprend également la documentation systématique des informations collectées pour faciliter l'accès. En effet, les activités de caractérisation devraient favoriser la conception de prévisions objectives et fiables sur la performance des animaux dans des environnements définis et comparer ainsi la performance potentielle à l'intérieur des différents systèmes de production d'un pays ou d'une région. Il s'agit, par conséquent, d'un travail plus approfondi qu'une simple récolte de rapports existants (Rege, 1992). Les renseignements obtenus par le processus de caractérisation favorisent une prise de décision éclairée sur les priorités de la gestion des ressources par les différents groupes d'intérêt dont les éleveurs, les gouvernements au niveau national et régional et les organismes internationaux (FAO, 1992; FAO/PNUÉ, 1998). Ces décisions politiques visent à promouvoir la mise en valeur des ressources zoogénétiques tout en garantissant la conservation de ces ressources pour les besoins des générations présentes et futures.

2. Origine de la diversité génétique

La diversité génétique est basée sur la variabilité des gènes entre et/ou à l'intérieur des espèces et de leurs populations. L'intérêt actuel porté à la biodiversité représente le support de base sur lequel peut agir la sélection. Il est admis que plus la diversité est grande dans un groupe d'individus (population, sous population, espèce), plus il sera facile pour certains individus de s'adapter à de nouvelles conditions environnementales, notamment dans le contexte des changements climatiques. En plus de permettre une plus grande adaptabilité des individus, elle permettra également de réduire la dépression de la consanguinité et diminuera ainsi le risque d'extinction (Frankham, 2005). L'origine de la diversité génétique est la résultante des variations des séquences d'ADN (polymorphisme génétique) interagissant avec les effets de l'environnement (forces évolutives) (Stockwell *et al.*, 2003).

2.1. Polymorphisme génétique

Le polymorphisme génétique est à la base de la diversité génétique ; il correspond à des variations de séquences d'ADN au sein d'un groupe d'individus et de la même population. Ces variations naturelles sont dûes à des mutations successives au cours de l'évolution qui permettent de caractériser la diversité génétique entre individus et populations. En général, les mutations peuvent survenir aléatoirement au cours de la réplication de l'ADN mais peuvent aussi être dûes à des agents mutagènes physiques (par exemple, les rayonnements ultra-violet), chimiques ou biotiques (virus et transposons). La recombinaison est un processus qui entraîne un brassage de matériel génétique intra ou inter chromosomique et dont la conséquence est la création de nouvelles combinaisons alléliques, c'est-à-dire d'haplotypes (Wang *et al.*, 1999). Par contre, les mutations et recombinaisons augmentent la diversité génétique globale en générant de nouveaux allèles et de nouveaux haplotypes pouvant être de différentes classes. Le polymorphisme chromosomique peut être dû soit à une variation du nombre des chromosomes soit à un changement de leur structure (délétion, duplication, inversion, translocation). Le polymorphisme d'insertion caractérise des éléments d'ADN capables de s'insérer dans différentes régions du génome. Inversement, le polymorphisme de délétion supprime certaines régions du génome alors que le polymorphisme d'inversion comme son nom l'indique provoque un changement dans l'ordre de certaines séquences dans le génome. Les mutations affectent l'ensemble du génome. Celles-ci sont silencieuses lorsqu'elles n'ont pas d'impact évolutif. Par contre, des changements fonctionnels peuvent avoir lieu lorsqu'elles entraînent des changements d'acides aminés dans les régions codantes et donc des modifications structurales et fonctionnelles des protéines.

Les mutations affectant les régions non codantes peuvent aussi avoir un impact évolutif. En effet, elles peuvent entraîner des modifications dans les régions de l'ADN ayant un rôle important dans la régulation de la transcription et dans l'organisation du génome et qui sont donc soumises à des pressions de sélection indiquant qu'elles ont un rôle évolutif et fonctionnel majeur (Wang *et al.*, 1999). Le phénomène de mutation est la source fondamentale de variation génétique et correspond

à un changement héréditaire dans le matériel génétique de l'organisme. Les mutations sont importantes car elles apportent de la richesse par la création de nouveaux allèles (Kimura, 1983).

2.2. Forces évolutives

Le niveau de la diversité génétique des populations et des variations de fréquences alléliques dépend de l'action respective de trois forces évolutives pouvant interagir les unes avec les autres : la dérive génétique, la migration et la sélection. Elles sont à l'origine de la structure de la diversité génétique et de son évolution.

2.2.1. Dérive génétique

La dérive génétique qui agit sur tout le génome se traduit par un changement aléatoire des fréquences alléliques au cours des générations dans une population de taille limitée (Wright, 1931). En effet, dans une population d'effectif définie, les fréquences alléliques varient sous l'effet du hasard d'une génération à l'autre. Plus la population sera petite, plus les effets de la dérive seront grands car les écarts de fréquences alléliques y seront d'autant plus visibles d'une génération à l'autre. La dérive peut aboutir à l'élimination ou à la fixation d'un allèle pour tous les individus de la population. Les chances de fixation ou d'élimination d'un allèle dépendent évidemment de sa fréquence dans la population. Plus il est fréquent, plus il aura de chances d'être fixé tandis que plus l'allèle est rare, plus il sera sujet à l'élimination (s'il ne confère bien entendu aucun avantage sélectif). Contrairement aux mutations, la dérive génétique aura tendance à réduire la diversité génétique.

2.2.2. Migration

En génétique des populations, la migration se réfère au mouvement des gènes entre populations. La migration limite, voir empêche (selon son intensité), la divergence génétique entre populations engendrée par l'effet de la dérive génétique (Hamrick *et al.*, 1993). Les flux géniques sont le résultat de la contribution génétique d'une population migrante sur la future génération de la population « puits ». Ils ont pour effet l'augmentation de la richesse allélique pour les populations qui reçoivent ces migrants. À long terme, lorsque les flux de gènes sont réciproques d'une population à une autre, les fréquences alléliques entre populations s'homogénéisent (Slatkin, 1985) induisant une réduction de la différenciation génétique. L'homogénéisation est d'autant plus forte que les flux de gènes sont importants.

2.2.3. Sélection naturelle

Avancée par Charles Darwin en 1859 dans « L'Origine des espèces », 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 tandis que les phénotypes les moins adaptés tendront à disparaître. Pour que la sélection agisse, il est nécessaire que les individus d'une population ne soient pas tous identiques (variation de traits). En effet, ces différences de survie/reproduction sont dues à des variations génétiques héréditaires. 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. Contrairement à la migration et à la dérive génétique qui affectent l'ensemble du génome, la sélection n'agit que sur certains loci et sur leur voisinage direct.

3. Méthodes de caractérisation des animaux d'élevage

D'une manière générale, la caractérisation des races animales se fait suivant plusieurs méthodes qui peuvent être phénotypiques (caractères morphobiométriques), biochimiques ou immunogénétiques (polymorphisme des protéines du sang), cytogénétiques (nombre, formes et anomalies chromosomiques) ou moléculaires (analyse des marqueurs directement situés sur l'ADN).

3.1. Méthode morphobiométrique

Cette méthode fait appel aux caractères phénotypiques tels que les caractéristiques morphologiques (morphologie de la tête et du corps, couleur de la robe, des pattes...etc.) ou des mesures (taille, poids, hauteur au garrot, largeur du corps ...etc.) ou de performances (vitesse de croissance, production laitière ...etc.). Elle est habituellement utilisée pour caractériser et comparer les races d'animaux d'élevage. En outre, la méthode morphobiométrique donne des indications assez vagues sur le patrimoine génétique de la race, du fait du mode de transmission héréditaire généralement complexe et souvent mal élucidé des caractères pris en compte ; elle reste cependant une méthode qui apporte des informations très utiles. C'est pour ces raisons que pendant longtemps la méthode immunogénétique a été préférée.

3.2. Méthode immunogénétique ou biochimique

Au début du 20^{ème} siècle, la caractérisation des espèces animales se limitait aux techniques biochimiques. Actuellement, les techniques de laboratoire permettent d'effectuer en grandes séries, la détermination de la structure des facteurs sanguins qui sont de véritables marqueurs génétiques. La connaissance de la variabilité de ces marqueurs biochimiques permet donc d'élaborer des hypothèses relatives à l'origine des populations animales et de déterminer les relations génétiques entre races d'une même population ou d'une même espèce. Parmi les marqueurs immunogénétiques, nous avons le polymorphisme des groupes sanguins et des protéines du sang.

3.2.1. Groupes sanguins

La première mise en évidence de variations biochimiques a été réalisée au début du siècle dernier sur les groupes sanguins ABO humains. Chez les équins et les bovins, on connaît respectivement 8 et 13 systèmes sanguins répartis sur plusieurs loci polymorphes (Delacretaz-Wolff, 1997). Chez le dromadaire, les marqueurs génétiques sanguins n'ont pas été essentiellement

utilisés pour l'identification et le contrôle des performances. Par contre, ils ont été employés pour établir le contrôle de filiation des chevaux au Maroc (Ouragh *et al.*, 1994).

3.2.2. 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 variantes protéiques ou allozymes (enzymes sériques, érythrocytaires et tissulaires) deviennent alors un outil standard pour l'investigation de la variation biochimique et fournissent le premier moyen non biaisé d'estimer la variabilité du génome (Baumung *et al.*, 2004).

Les polymorphismes des protéines ont été les premiers marqueurs biochimiques utilisés dans 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. Cependant, le niveau de polymorphisme des protéines est souvent faible et, par conséquent, l'utilisation du typage des protéines dans les études sur la diversité est réduite (Rognon et Verrier, 2007). Ces marqueurs ont été et sont encore largement utilisés pour des études de génétique des populations. Grosclaude *et al.* (1990) ont étudié 13 allozymes dont 11 loci des groupes sanguins afin d'analyser les relations génétiques entre 18 races bovines françaises. Cette étude a permis la distinction entre quatre sous-groupes de races cohérents avec les données historiques et géographiques. De même, Randi *et al.* (1991) ont utilisé la technique des allozymes pour préciser les relations évolutives entre différentes espèces animales d'élevage.

3.3. Méthodes moléculaires

Durant les dernières décennies, avec le développement de nouvelles technologies de la biologie moléculaire, les polymorphismes de l'ADN sont devenus les marqueurs 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. Un certain nombre de marqueurs sont à présent disponibles pour détecter les polymorphismes d'ADN dans les études sur la diversité génétique, mais les marqueurs les plus fréquemment utilisés sont les microsatellites (Rognon et Verrier, 2007).

3.3.1. Marqueurs de l'ADN mitochondrial

Les polymorphismes de l'ADN mitochondrial (ADNmt) ont été largement utilisés lors des analyses de la diversité génétique. L'ADNmt haploïde, transporté par les mitochondries du cytoplasme cellulaire, possède un mode maternel d'hérédité (les animaux héritent l'ADNmt de leurs mères et non de leurs pères) et un taux de mutation élevé. Ces caractéristiques permettent aux biologistes de reconstruire les relations évolutives intra et inter raciales par l'évaluation des modèles de mutations de l'ADNmt. Les marqueurs de l'ADNmt peuvent également fournir un moyen rapide de détecter l'hybridation entre les espèces et les sous-espèces d'animaux d'élevage (Nijman *et al.*, 2003). La quasi-totalité de la séquence de l'ADNmt est codante. Les gènes sont

contigus et ne contiennent pas d'introns. Les parties non codantes sont limitées à de courtes séquences et une partie plus longue correspondant à l'origine de réplication (D-loop).

Plusieurs études ont suggéré que l'utilisation du polymorphisme de cette partie, très variable de l'ADN mitochondrial, est efficace pour la caractérisation intra et inter-races (Bowling *et al.*, 2000 ; Hill *et al.*, 2002; Kavar *et al.*, 2002; Yang *et al.*, 2002).

3.3.2. Marqueurs RFLP

Les polymorphismes de longueur des fragments de restriction (RFLP) sont identifiés en utilisant des enzymes de restriction et des sondes génétiques (Botstein *et al.*, 1980). La méthode utilisée sous sa forme initiale ou méthode de Southern, est laborieuse et ne permet pas de traiter aisément un grand nombre d'individus. Par contre, la méthode couplage de cette PCR-digestion par des enzymes de restriction a permis d'étudier le polymorphisme de restriction de nombreux gènes (Klungland *et al.*, 1995 ; Lagziel *et al.*, 2000) pour la caractérisation de races domestiques.

3.3.3. Marqueurs RAPD

Un autre type de marqueur moléculaire RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) 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). Plusieurs études ont utilisé les marqueurs RAPD pour différencier génétiquement les animaux domestiques. 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).

3.3.4. 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 (Ajmone-Marsan *et al.*, 1997; Vos *et al.*, 1995). Parmi les marqueurs moléculaires, les AFLP sont les moins utilisés en caractérisation. En effet, 7 % des études de caractérisation de races domestiques sont réalisées en utilisant les AFLP (Baumung *et al.*, 2004).

3.3.5. Marqueurs microsatellites

L'une des principales méthodes utilisée aujourd'hui est celle mettant en évidence le polymorphisme des locus microsatellites ou STR (Short 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). Grâce à leurs caractéristiques, aussi bien biologiques que techniques, ces locus sont des marqueurs de choix pour l'analyse de la diversité entre et intra 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 répétition qui est dû à la variation du nombre de répétitions du motif de base.

Les microsatellites présentent une répartition homogène sur le génome ; Ils sont codominants, multi alléliques 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} mutations 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). Lors de l'analyse de la transmission d'allèles de microsatellites dans des études de familles, il y a apparition de nouveaux allèles. Ces derniers ne diffèrent des allèles d'origine que par une seule unité répétée. L'augmentation de taille observée semble résulter d'un glissement de la polymérase consécutif à un mésappariement. Ce phénomène serait ainsi la reproduction *in vivo* du phénomène observé *in vitro* lors de la PCR, au cours duquel la Taq polymérase s'avère incapable de reproduire fidèlement le nombre de répétitions d'origine et génère par glissement des bandes multiples, au lieu de la bande unique attendue (Levinson et Gutman, 1987). L'utilisation des microsatellites dans des études de la génétique des populations est très récente.

Les microsatellites ont été en premier lieu utilisés dans l'étude des populations humaines puis dans les races domestiques pour évaluer la variabilité génétique intra 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 marqueurs 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 polymorphisme élevé et leur dispersion dans le génome.

Ces marqueurs sont largement utilisés dans les études de caractérisation d'animaux domestiques. Actuellement, chez la plupart des espèces d'animaux domestiques, une liste de références de locus microsatellites a été publiée par la FAO (FAO, 2011), afin de permettre la comparaison entre des analyses obtenues pour différentes espèces animales et par plusieurs équipes de recherche dans le monde. Les microsatellites ou SSR (Morgante et Olivieri, 1993) sont des marqueurs moléculaires basés sur la PCR qui se déroule selon la figure 14.

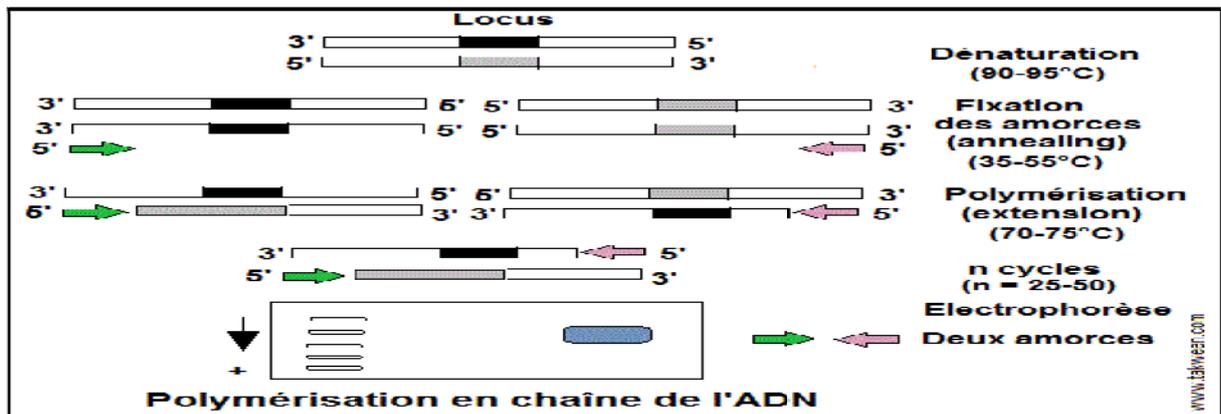


Figure 14 : Marqueurs de type microsatellite (SSR)

Les microsatellites sont constitués de séquences de di-, tri- ou tétra-nucléotides répétés en tandem (toujours dans le même sens, par opposition à répétitions inversées répétées). Ces éléments sont uniformément répartis en plusieurs exemplaires sur l'ensemble du génome d'une espèce et présentent un taux de polymorphisme élevé. Ce polymorphisme repose sur la variation du nombre d'unités de répétition constituant le microsatellite. Les clones d'ADN qui s'hybrident facilement contiennent des séquences répétées. Pour que cet ADN marqueur puisse être un repère non ambigu, il doit être entouré à droite et à gauche de séquences uniques. Ces deux séquences flanquant les éléments répétés permettent de définir une paire d'amorces qui sera utilisée pour l'amplification PCR. L'analyse des produits amplifiés s'effectue sur gel de polyacrylamide haute résolution (susceptible de séparer des fragments d'ADN de taille faible). Un microsatellite (SSR) est donc défini par: le motif répété qui le compose et la paire d'amorces uniques qui l'encadrent et servent à l'identifier et à l'amplifier.

Si les SSR constituent de bons marqueurs moléculaires (reproductibles, codominants et aisés d'utilisation), leur caractérisation initiale est toute fois assez lourde. En effet, leur production doit passer d'abord par le clonage et le séquençage de ces éléments répétés comme le montre la figure (15). Étant donné qu'il n'existe que de faibles différences de tailles sur les microsatellites, ces marqueurs sont souvent séparés par électrophorèse sur gel de polyacrylamide (au lieu de l'agarose).

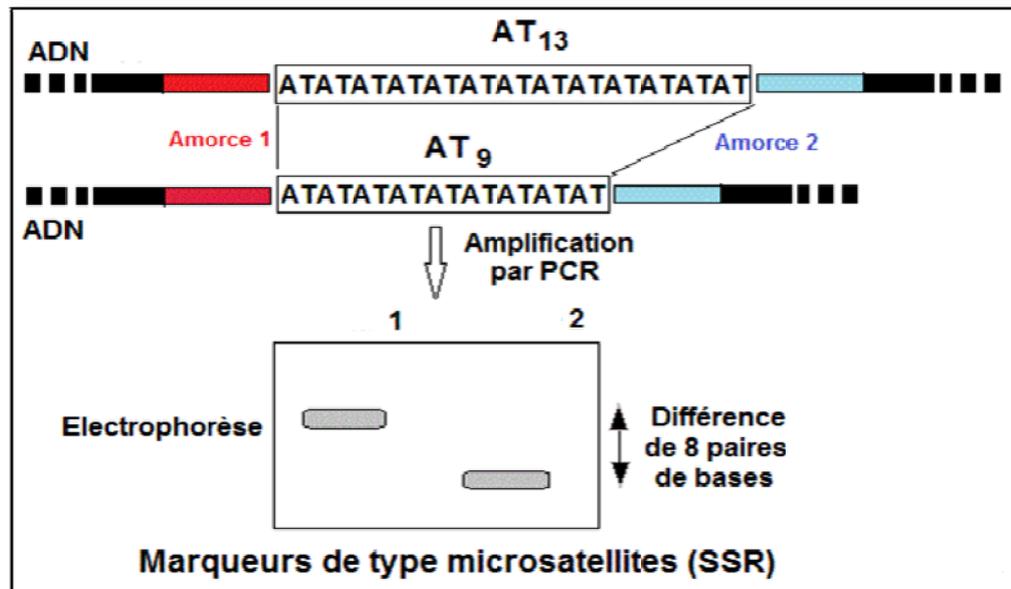


Figure 15 : Marqueurs de type microsatellites SSR

3.3.6. Marqueurs SNP

Une nouvelle génération de marqueurs polymorphes est actuellement 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 génomes ou de séquences exprimées EST « Expressed Sequence Tag » (Lee *et al.*, 2006). 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 SNPs peuvent être étudiés par plusieurs techniques reposant sur différents principes (Vignal *et al.*, 2002). L'une des plus prometteuses est basée sur l'utilisation de puces à ADN qui présentent un immense potentiel en matière de recherche de mutations génétiques et qui permettent d'analyser simultanément plusieurs milliers d'informations génétiques différentes (Maudet, 2001). Cependant, le génotypage à haut débit nécessite également des outils spécifiques permettant l'analyse simultanée de milliers ou dizaines de milliers de SNP (Pitel et Riquet, 2000 ; Vignal *et al.*, 2002).

4. Situation mondiale de la biodiversité

La biodiversité est le fondement de la vie et des services essentiels fournis par les écosystèmes dans des conditions climatiques et écologiques très différentes. Elle représente le produit de milliers d'années de travail pertinent au cours desquelles l'homme a cherché à satisfaire ses besoins, par des moyens de subsistance exploités à partir des ressources génétique. Cette exploitation a généré une perte de la variabilité génétique des ressources génétiques pour

l'alimentation et l'agriculture. Dans les années soixante la FAO a orientée son attention vers la valeur économique de la diversité biologique des ressources génétiques pour l'agriculture.

Cette prise de conscience à initier l'émergence de l'amélioration de la gestion des ressources zoogénétiques dans le monde tant pour la conservation que pour la caractérisation des races locales.

A cet effet, la taille des populations n'est connue que pour 4183 races dont 740 sont déjà enregistrées comme disparues, et 1335 (soit 32%) sont classées à haut risque d'extinction et en voie de disparition (Ruane, 2000). Ce sont les conséquences des progrès réalisés par les programmes de sélection qui ont permis de créer des cultivars et des races très productifs à grand succès. Cette recherche de la productivité a entraîné une baisse du nombre de races utilisées en agriculture dans le monde entier. L'étendue de l'érosion génétique et la vulnérabilité qui en résulte varient selon l'espèce et la région, mais le capital génétique utilisé régulièrement en agriculture continue de s'appauvrir.

L'érosion de la diversité génétique des espèces animales représente une grave menace pour les approvisionnements alimentaires voir même pour l'extinction des espèces. Le changement climatique mondial en auxiliaire risque aussi de menacer la diversité des ressources génétique. Tous ces facteurs diminuent la diversité génétique mais aussi permet d'accroître son importance en tant qu'élément pouvant permettre d'adapter la production animale à l'évolution des conditions.

5. Conservation de la biodiversité animale

Il existe deux approches pour la conservation des ressources génétiques animales : la conservation *in situ* et la conservation *ex situ*. La première consiste à préserver les animaux dans leurs milieux naturels et la seconde porte sur deux variantes. La première, conduite *in vitro*, s'appuie sur les techniques de cryopréservation (spermatozoïdes, ovocytes, embryons). Contrairement aux plantes, la cryopréservation n'est techniquement faisable que pour très peu d'espèces animales d'élevage (Rege et al., 2003). La seconde variante, conduite *in vivo*, consiste à préserver les ressources génétiques menacées dans des localités déterminées (fermes étatiques, stations de recherche). Le principe de la conservation *in situ* consiste à préserver, *in vivo*, les populations à risque d'extinction dans l'environnement dans lequel elles se sont développées. Cette approche intéresse des écosystèmes entiers.

5.1. 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, 1998). Ces décisions politiques visent à promouvoir la mise en valeur des ressources zoogénétiques tout en garantissant la conservation de ces ressources pour les besoins des générations présentes et futures.

Une considération clé pour la gestion des ressources zoogénétiques 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'état 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 et la relation génétique entre races lorsque les populations se trouvent dans plus d'un pays.

Si une population n'est pas en danger, aucune action immédiate de mise en oeuvre 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, si non il faudra accepter la perte potentielle de la race (figure 16). Pour allouer des ressources 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 16).

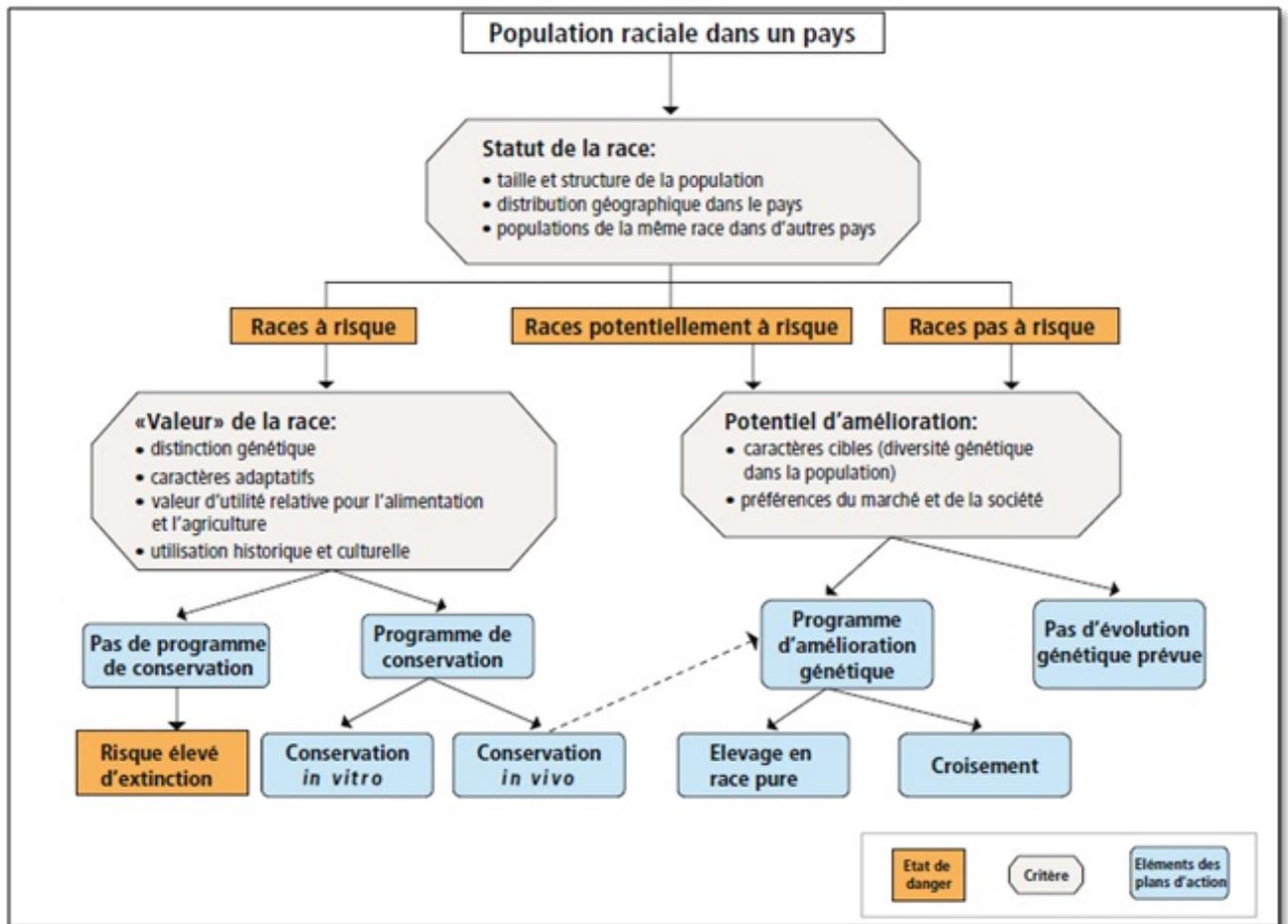


Figure 16 : Informations nécessaires pour l'établissement des stratégies de gestion. (FAO, 2008)

La biologie de la conservation est une nouvelle discipline qui a pour but de maintenir le plus possible de biodiversité sur terre. Le choix des milieux et des espèces à conserver n'est pas toujours facile, car il faut concilier des exigences biologiques, sociologiques et économiques parfois antagonistes. La participation des populations locales est l'une des clés de la conservation *in situ*, dont l'objectif ne se limite pas seulement à la conservation des gènes d'une race en danger mais aussi au maintien des processus qui permettent de préserver les systèmes de production. La convention sur la biodiversité préconise de préserver la biodiversité dans le contexte dans lequel elle s'est développée. Dans le cas des animaux d'élevage, la conservation *in situ* présente de nets avantages par rapport à la conservation *ex situ*. D'une part, les races locales sont les produits d'environnements écologiques et culturels spécifiques et on modifierait leur constitution et leur intégrité génétique si on les retirait de leur milieu d'origine ; le transfert de populations d'animaux domestiques dans des milieux contrôlés constitue un danger potentiel dans la mesure où leur faculté d'adaptation risque de s'éroder graduellement, et, d'autre part, les races animales ne sont pas statiques mais sont en permanence soumises à des processus d'adaptation à des conditions écologiques et économiques changeantes (Audiot, 1998).

La conservation des espèces peut se faire dans leurs milieux naturels (conservation *in situ*). Elle est de choix lorsque le milieu où vivent ces espèces n'est pas perturbé et qu'elles ont encore des effectifs suffisants. Elle permet de maintenir des populations assez nombreuses et diversifiées

génétiquement. Ce type de conservation nécessite des territoires suffisamment vastes et bien protégés pour éviter les dégradations causées par l'homme (chasse, récolte pour le commerce ou la collection, etc.) et pour maintenir la permanence des processus écologiques fondamentaux. La méconnaissance de la biologie de certaines espèces rend leur conservation difficile telle que la vie en symbiose (Dajoz, 2008).

La conservation *ex situ* des espèces animales peut se faire aussi dans des parcs zoologiques afin de sauver plusieurs espèces. La perte de diversité génétique est l'inconvénient principal du maintien de l'espèce animale rare en captivité, lorsque on opte pour la conservation, le biotope est très perturbé ou même détruit, ou que les effectifs sont trop faibles pour assurer la survie, cette chute est dû en grande partie à l'effet de goulot.

La conservation *in situ* requiert nécessairement le soutien actif, moyennant des mesures d'incitations, des exploitants qui possèdent et utilisent ces animaux. Dans la perspective globale du maintien de la diversité génétique des animaux d'élevage en vue de conserver certains caractères génétiques, on trouve de solides arguments pour justifier la préservation *in situ* (à base communautaire) des ressources génétiques animales (Khøler-Rollefson, 2001). Le choix entre les deux approches dépend des objectifs et des coûts de conservation (Gandini et Oldenbroek, 1999).

Actuellement, l'approche *in situ* est considérée comme la meilleure solution car elle maintient la capacité d'évolution et d'adaptation des populations. Néanmoins, la cryoconservation présente aussi l'avantage de réduire les risques associés aux maladies infectieuses et pourrait être utilisée de façon complémentaire à la conservation *in situ* pour contrôler les processus de dérive génétique (Gandini et Pizzi, 2003). Oldenbroek (1999) a suggéré que la problématique de conservation soit raisonnée selon une vision intégrée qui tiendrait compte des deux approches simultanément. En matière de priorité de conservation, beaucoup d'efforts ont été consacrés aux analyses des distances génétiques entre les races. A ce titre, la FAO a proposé la mise en place d'un programme global pour établir les rapports génétiques entre les races de chaque espèce domestique (Barker *et al.*, 1993). Certes, la spécificité génétique d'une race est importante, mais elle ne constitue pas l'unique critère de décision (Ruane, 1999). D'autres facteurs complexes, y compris l'utilité présente et future des races, leur importance environnementale, culturelle et historique, devraient également être pris en compte à ce niveau. Actuellement, 400 zoos de 54 pays participent à des programmes d'élevages d'espèces menacées dans le but de les réintroduire dans leur milieu d'origine ou ils retrouvent les conditions favorables. Le but est de conserver une diversité génétique suffisante, ce qui nécessite une population minimum de 250 à 500 individus, donc des investissements lourds dans le cas d'espèces de grandes tailles. C'est pourquoi, ces élevages *ex situ* ne concernent qu'un à deux milliers d'espèces (Dajoz, 2008).

6. Causes de la perte de biodiversité

Les principales actions de dégradation de la diversité biologique s'appuient sur la surexploitation des espèces, le contrôle des espèces jugées nuisibles aux intérêts humains et la conservation des espèces menacées d'extinction.

6.1. Surexploitation

De nombreuses espèces sont exploitées par l'homme pour leur intérêt économique, comme source de nourriture et de matière première, mais les prélèvements effectués sont souvent excessifs ce qui conduit les populations sur la voie de l'extinction et ruine l'activité économique qui y était associée ou bien alors elles sont sous-exploitées, ce qui diminue l'intérêt de l'activité. La surexploitation est évidemment l'aspect le plus dramatique par ses conséquences biologiques, économiques et sociales (Dajoz, 2008).

6.2. Contrôle des espèces

Les problèmes de contrôle des espèces nuisibles sont extrêmement variés puisqu'ils concernent les espèces qui sont jugées néfastes aux intérêts humains, tels les ravageurs, les pathogènes et les parasites. L'impact économique et sanitaire de ces espèces est considérable. Les relations positives et négatives entre les trois compartiments d'un écosystème permettent de définir les différents types d'interventions envisageables pour assurer le contrôle de la population cible: diminuer l'effet négatif du prédateur en augmentant la résistance de la population cultivée ou domestiquée, diminuer le potentiel d'accroissement de la population déprédatrice et valoriser l'action des auxiliaires qui s'attaquent naturellement au déprédateurs (Mehta et al., 2006).

7. Elevage et biodiversité

Au moment des grands changements qui caractérisent le milieu, la vie sociale et économique en algérie, l'élevage dans sa grande dimension est pressé de s'adapter pour assurer sa pérennité et devenir un acteur dans le développement économique. L'algérie, de part sa position géographique et ses divers étages bioclimatiques et écologiques, de l'humide à l'hyper-aride, possède une diversité animale considérable. La diversité biologique n'a jamais été autant menacée et l'extinction de nombreuses espèces pourrait avoir des répercussions négatives sur le développement et gêner l'avancée de la recherche scientifique. Il existe toujours une grande diversité dans les génotypes des espèces animales. C'est le résultat de la sélection naturelle, de la reproduction en isolement et de l'élevage à des fins spécifiques. Cependant, la biodiversité est en déclin suite aux transformations opérées sur l'agriculture, conduisant à la réduction du nombre de races exploitées, une standardisation du matériel animal utilisé et de ses produits. Les races se raréfient, soit parce que leurs caractéristiques ne correspondent plus à la demande du marché soit parce que leurs qualités n'ont pas été reconnues. La gestion des ressources génétiques animales en Algérie est axée le plus souvent sur les animaux de rente, qui malgré leur importance primordiale pour la sécurité alimentaire et pour le développement économique et social, sont sujets actuellement au processus d'érosion génétique qui va en s'accroissant.

Pour l'espèce cameline, on ne peut encore, à l'heure actuelle, parler de conservation ou d'amélioration du patrimoine génétique camelin. Sachant que l'élevage en Algérie offre un mélange extraordinaire des principales espèces rencontrées dans les pays limitrophes. Ces espèces animales sont élevées pour leurs productions et pour les services qu'elles procurent à l'homme. En terme de

biodiversité relative à cet élevage, les espèces domestiques ovines, bovines, caprines, camelines, aviaires, équinées, cunicoles, asines, etc. sont présentes dans le pays. A l'échelle nationale, il est indispensable d'adapter les systèmes d'identification et de description des populations animales dans des catégories spécifiques de races ou de populations, conformément aux différentes évolutions scientifiques et technologiques, donc de décrire la covariation entre ces différents facteurs et d'identifier dans le génome les signatures de sélection associées à l'adaptation à l'environnement.

Pellegrini (1999) indique que depuis le début de la domestication des animaux d'élevage, l'homme a essayé par divers moyens d'identifier et de conserver les animaux présentant des capacités supérieures. Très tôt dans l'histoire de la domestication, on voit en effet apparaître l'idée de n'élever que les animaux plus adaptés aux besoins humains et de les faire reproduire entre eux. La diversité des milieux dans lesquels ces animaux ont été élevés et les multiples utilisations auxquelles les destinait l'homme (viande, lait, travail), ont conduit les espèces d'élevage à des voies d'évolution multiples. Les systèmes d'élevage anciens avaient pour principal objectif de fournir des animaux résistants, adaptés aux milieux dans lesquels ils évoluaient et aux utilisations auxquelles l'homme les destinait. A cette époque, l'instabilité économique et politique freinant une sélection dirigée et concertée, et la sélection naturelle était le principal moteur de l'évolution des populations. Au XV^{ème} siècle, les populations animales se différenciaient en "types" régionaux plus ou moins homogènes adaptés à un milieu et à un mode d'élevage. Le terme race ne s'est généralisé qu'entre le XIV^{ème} et XVI^{ème} siècle. Lush (1948) a défini la race dans son document "*The Genetics of Population*" comme suit: "A breed is a group of domestic animals, termed such by common consent of the breeders, ... a term which arose among breeders of livestock, created one might say, for their own use, and no one is warranted in assigning to this word a scientific definition and in calling the breeders wrong when they deviate from the formulated definition. It is their word and the breeders common usage we must accept as the correct definition".

Selon Pellegrini (1999), la notion de race correspondait alors à «une population locale ou régionale adaptée à une production donnée et présentant un certain nombre de caractères communs». La notion moderne de races d'animaux domestiques prend ses racines avec le début d'une population animale destinée à la commercialisation. C'est lors de la révolution industrielle en Angleterre au XVII^{ème} siècle que l'on voit apparaître pour la première fois la notion de standard de race. Durant cette période, la nécessité d'un élevage intensif a conduit à une sélection intensive et organisée, et à une spécialisation des animaux en vue d'accroître les productions. A partir de ce moment, de nombreux groupes d'éleveurs coordonnent leurs efforts de sélection et tentent d'affirmer l'originalité de leur population animale en réclamant la reconnaissance de leurs races. En règle générale, chaque race d'élevage est définie par un standard, c'est-à-dire un ensemble de critères qui définissent l'individu idéal.

Ces sous ensembles d'espèce ou "races" se fondent notamment sur la taille de l'animal, la conformation, la couleur, la longueur et la texture du poil, ses aptitudes à produire et son adaptation à des conditions climatiques ou autres. Toutefois, la notion de race moderne est devenue un concept difficile à définir précisément et qui peut signifier différentes choses selon les

lieux et les espèces. Maudet (2001) signale que la définition récente de la race moderne fait généralement appel aux concepts suivants :

- *Homogénéité morphologique* : en élevage la notion de race s'applique à des populations individualisées d'une même espèce ayant des caractères morphologiques et physiologiques héréditaires bien distincts des autres populations. Des populations ayant un génotype moyen individualisé et que l'homme s'est attaché à maintenir parfois depuis très longtemps, mais qu'il peut faire évoluer dans le temps en fonction d'impératifs économiques ou de modes. Les éleveurs ont aussi une tendance vers une spécialisation morphologique des animaux afin d'identifier la race et de la distinguer des autres races. Néanmoins, certaines races présentent une grande variation de ces caractéristiques, alors que des animaux de races différentes peuvent être morphologiquement très similaires.

- *Héritabilité des caractères* : les traits distinctifs d'une race doivent être stables dans le temps, et donc ces caractères sont transmissibles d'une génération à l'autre.

- *Intérêt économique* : le but initial de la création des races était effectivement une reconnaissance des caractéristiques d'une population d'animaux dans un but commercial. Dans la pratique, définir des races en nombre donné suppose donc implicitement qu'on se fixe un critère pour les définir. Ce critère correspond en général à un but, et les classifications pourront être différentes pour des buts différents. La race est ainsi une notion subjective, liée à des exigences commerciales et ne correspondant pas forcément à une réalité biologique. Dans le même ordre d'idée, ces races ne sont pas des entités statiques, ni mêmes des données naturelles. Elles sont le résultat d'une histoire durant laquelle sont intervenus de nombreux facteurs : migrations d'animaux, mutations des gènes, modifications des contextes économiques et sociaux (Audiot, 1995). La définition adoptée par la FAO en 1999 est la suivante: "*Either a subspecific group of domestic livestock with definable and identifiable external characteristics that enable it to be separated by visual appraisal from other similarly defined groups within the same species or a group for which geographical and/or cultural separation from phenotypically similar groups has led to acceptance of its separate identity*".

8. Selection chez le dromadaire

La sélection est un important créneau de gestion d'un élevage pour améliorer sa productivité. Cependant, l'amélioration génétique du dromadaire reste problématique parce que peu, voir rarement exploitée. Les producteurs distinguent bien des "races" mais les critères sont purement phénotypiques et la sélection a rarement été poussée, sauf pour les dromadaires de course aux Emirats Arabes et probablement dans les pays d'Asie centrale pour la production laitière (Mburu et al., 2003; Faye, 1997).

En Afrique du Nord-Est, Hussein (1989) signale que la sélection est pratiquée essentiellement pour maintenir ou améliorer la productivité, l'endurance ou la résistance à la sécheresse. Les éleveurs de cette région pratiquent une sélection sévère pour les mâles. Ils accordent une grande attention à l'apparence, au comportement et aux caractéristiques des ancêtres des animaux sélectionnés. La sélection des futurs pères se fait justement après le sevrage.

Les mâles écartés à ce stade seront vendus, égorgés ou castrés. L'objectif principal de la castration est d'éviter l'élevage non désiré de certains sujets et pour le développement corporel des animaux. Dans la région du Golf, Isam et Osman (2005) rapportent que les éleveurs sélectionnent leurs animaux en se basant sur des critères subjectifs qui ne reflètent pas le potentiel héréditaire de l'animal, la physionomie, le comportement et les performances constituent les principaux critères de choix. Cependant, certains éleveurs évitent dans leurs élevages certaines robes et performances. Généralement, les éleveurs retiennent les généalogies de leurs troupeaux. Le choix de femelles se base sur l'allure, la taille, la couleur de la robe et le rendement laitier alors que le mâle produisant des chamelons qui lui sont similaires sera gardé comme "Fort" génétiquement. Faye (1997) indique que la sélection du mâle géniteur est le premier facteur d'amélioration génétique du troupeau ; les éleveurs arrivent à différencier ceux qui transmettent leur conformation aux produits. Un mâle pour 30 femelles est préférable à un mâle pour 50, ratio souvent pratiqué par les éleveurs. Cependant dans les petits troupeaux, l'éleveur conserve par nécessité un mâle et son remplaçant, ce qui diminue le nombre de femelles par reproducteur. Par ailleurs, il est difficile dans les grands troupeaux de conserver plusieurs mâles qui deviennent agressifs entre eux à la période du rut. La solution parfois adoptée est de conserver, à côté d'un adulte dominant, un jeune mâle, celui-ci évite la confrontation directe mais peut saillir les femelles délaissées par le premier. L'entretien du mâle ne doit pas être négligé entre les saisons de reproduction. Une alimentation équilibrée, provenant d'un entretien sur un parcours naturellement diversifié, ou de la distribution d'un complément énergétique et azoté, lui permettra de récupérer de la saison de reproduction précédente et d'affronter la suivante avec la capacité de supporter les 20 ou 30 % de chute de poids observés pendant cette période où le géniteur s'alimente peu.

9. Etat des ressources génétiques camelines dans le monde

Selon Ould Ahmed (2009^a), Blanc et Ennesser (1989) rapportent une absence d'études précises sur la caractérisation des races camelines dans le monde. Plusieurs enquêtes se sont intéressées à la description sommaire des populations dans des zones géographiques en présentant des caractéristiques différentes. Il n'existe pas en effet, de descripteurs standardisés, précis et pertinents et encore moins d'études portant sur des marqueurs génétiques. Face à cette situation, il est difficile de distinguer des entités bien définies "race". Les mêmes auteurs ont signalé que les races décrites sont plus proches des populations naturelles que des produits issus de sélection poussée. Les éleveurs ne sont intervenus qu'en orientant la sélection pour des objectifs spécifiques (transport, lourd ou rapide, et récemment la production du lait) et les formes morphologiques pour le bât ou la selle. Cependant, compte tenu des contraintes écologiques, les éleveurs ont dû tirer profit des adaptations aux divers habitats (montagne et plaine).

C'est cette classification qui est généralement retenue, plutôt qu'une distinction selon les finalités zootechniques (lait, viande, course). Ils ont proposé un schéma standard de filiation de races des dromadaires d'où se dégagent trois types et 8 sous-types ou groupes dans le monde avec un nombre égale à 97 races, 26 pour l'Afrique dont 10 pour l'Algérie (ISAG-FAO/DAD-IS, 2015) (Figure 17).

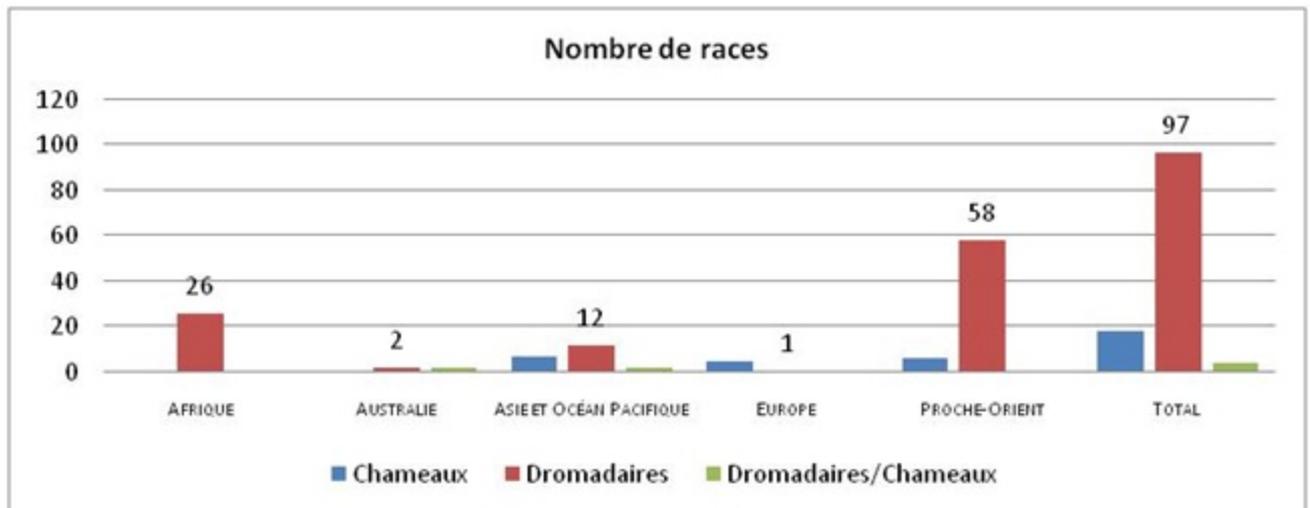


Figure 17 : Nombre de races par espèce et par continent (ISAG-FAO/DAD-IS 2015).

Cette classification s'articule sur la taille est représentée l'un des facteurs les plus discriminants qui pourra être expliqué par :

9.1. Type de grande taille

Ce type comprend trois catégories :

G1 : Ce sont des individus caractéristiques des races de plaines fluviales ou côtières, peu rustiques, lourdes et médiolignes, utilisées pour le bât (la race Fleuve au Mali),

G2 : Ce sont des individus assez hétérogènes regroupant des races de conformation, de pelage, mais surtout d'habitat et de mode d'utilisation très variés (Arab, Soudani, **Tergui**, Adrar),

G3 : Ce sont les animaux des plaines désertiques, rustiques, longilignes, à pelage ras et de coloration variable, utilisés pour la selle et souvent appelés Méhara (Reguibi).

9.2. Type de taille moyenne

Ils sont regroupés en deux catégories :

M1 : Ce sont des animaux soudanais, longilignes, à la robe claire, servant de monture,

M2 : Ce sont des bêtes de somme médiolignes, à robe très variée, assez lourdes, vivant en plaine (par exemple Manga, Azmiyah).

9.3. Type de petite taille

Ce type comprend également trois catégories d'animaux :

P1 : Cette catégorie regroupe les races de plaines fluviales ou côtières élevées essentiellement en Afrique de l'Est, légères, utilisées pour le bât, plutôt rustiques, médiolignes et de couleur fauve (par exemple le Guban en Somalie),

P2 : Cette catégorie regroupe les races du Maghreb qui sont rustiques, médiolignes et de robe foncée, d'utilisation mixte et préférentiellement vivante dans les plaines désertiques (par exemple la race Ouled Sidi Cheikh en Algérie),

P3 : Cette catégorie concerne les races brévilignes de montagne, à pelage long et foncé, très rustiques, rarement montées, tel que le Bari au Pakistan.

Faye (1997) signale que cette distinction demeure bien évidemment discutable car elle ne s'appuie que sur quelques arguments morphologiques et écologiques, ne prenant pas en compte les qualités zootechniques des animaux. Actuellement, on peut inventorier 52 principales races de dromadaires dans le monde et près d'une centaine de races assimilées (Figure 18).

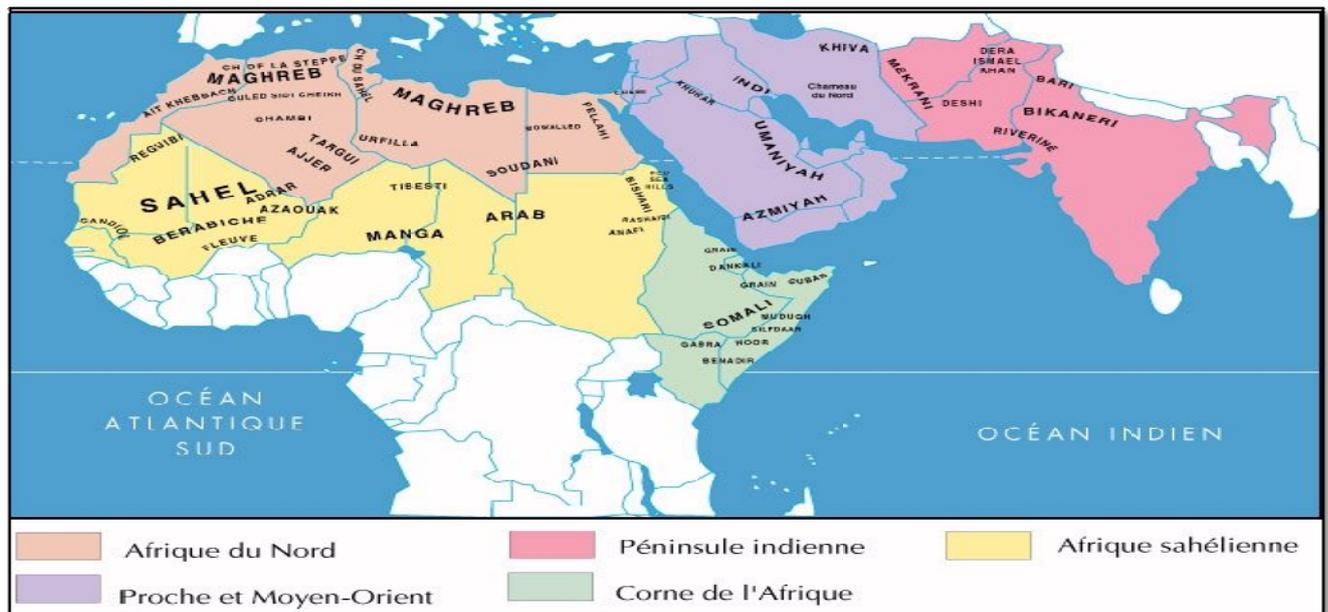


Figure 18 : Localisation des principales races de dromadaires dans le monde

10. Etat des ressources génétiques camelines en Algérie

En Algérie, le patrimoine zoogénétique autochtone constitue une richesse d'une grande importance aussi bien sur le plan qualité que quantité. Ce patrimoine, en particulier, le camelin représente non seulement une ressource pour le pays mais également un patrimoine génétique national.

Malgré son importance primordiale pour la sécurité alimentaire et pour le développement économique et social dans les régions arides et semi arides du pays, cette ressource est actuellement au processus d'érosion génétique qui va en s'accroissant. L'inventaire exhaustif de la diversité génétique cameline n'est toujours pas établi de manière formelle. A l'exception des enquêtes de bases et du contrôle des performances de certaines populations, les autres paramètres de caractérisation ne sont pas utilisés à cause du manque de technicité et de moyens matériels. Les quelques travaux descriptifs réalisés par certains chercheurs sont axés beaucoup plus sur la description morphologique et l'évaluation des aptitudes de production et de reproduction des diverses populations locales.

A l'indépendance, l'espèce cameline contribuait à la formation du revenu et à la couverture des besoins en protéines animales viande et lait d'une large couche de la population saharienne et même steppique. Elle assurait l'approvisionnement en matières premières (peaux, cuir, poils,) pour l'artisanat, le transport. La tendance des éleveurs à la sédentarisation ont été, parmi d'autres, les causes qui ont changé profondément le rôle du dromadaire dans le transport et poussé son élevage aux zones limitrophes (Harek, 2008). Le cheptel a été fortement influencé par la sécheresse et les changements socioéconomiques dans le pays. Les facteurs de régression de l'effectif camelin peuvent être liés aux mutations socio-économiques qu'ont connues les populations du Sud, ainsi qu'aux facteurs liés à la faible productivité du dromadaire.

Actuellement, les efforts de reconstitution du cheptel ont permis de redresser les effectifs (Harek, 2008) suite aux échanges massifs avec le Mali et le Niger dans le cadre de troc. L'élevage camelin a repris du regain d'intérêt ces dernières années par les communautés autochtones, et son intégration aux programmes de développement est actuellement un objectif national. A cet effet, les recherches ont contribué significativement à la connaissance de l'espèce dans leur milieu. Toutefois, des efforts sont encore nécessaires pour améliorer et diversifier les productions et mieux valoriser leurs produits. En effet, le besoin d'en caractériser les différentes races et populations n'est plus à discuter, et constitue la base nécessaire à tout projet de sélection et d'amélioration des performances. Le tableau (7) résume l'état des ressources zoogénétiques des principales races, espèces et écotypes camélins en Algérie.

Tableau 7 : Etat de conservation et point de situation sur la biodiversité cameline en Algérie (DAD-IS, 2015)

Nom commun	Espèces	Races, espèces, variétés	Etat de conservation
Camélidés	<i>Camelus dromedarius</i>	Le Berberi, le Chaambi, le Chameau de L'aftouh, le Chameau de La Steppe, L'ait Khebbach, L'ajjer, l'Ouled Sid Cheikh, le Reguibi, le Sahraoui et le Tergui	Elevages traditionnels confinés en zones steppiques et sahariennes (170.000 femelles en 2001) (AnGR, 2003).

11. Classification des dromadaires selon la vocation

Selon Khouri (2000), la dispersion du dromadaire dans l'espace et dans le temps est accompagnée par l'accumulation de variations qui les distinguent selon leurs milieux d'habitat. La non spécialisation des races camelines peut être attribuée à l'uniformité des conditions difficiles où les animaux sont élevés (Wardeh, 2004). Traditionnellement, les noms de certains types de dromadaires sont relatifs aux noms de leurs tribus propriétaires (Faye, 1997). C'est le cas des types camelins *El kebachi*, *Erchaydia*, *El bechari* élevés par ces tribus au Sudan (ACSAD, 2002).

Selon Isam et Osman (2005), une récente tentative de classification a été considérée dans certains pays pour catégoriser les dromadaires suivant le type de production (viande, lait, mixte et course). Ce nouveau système de classification se base sur le fait que le dromadaire est une composante importante des systèmes agropastoraux dans les zones pastorales hostiles et soutient la survie des millions de personnes en Asie et en Afrique (Wardeh, 2004).

11.1. Dromadaires à vocation viande

Ce sont des animaux caractérisés par une taille large avec un long cou, de gros muscles, une large bosse et un taux de croissance rapide. La meilleure viande vient de jeunes chamelons. La viande cameline commence à prendre une place de plus en plus importante avec l'industrialisation dans certains pays comme ceux du Golf. Certaines études montrent que ces animaux possèdent une excellente aptitude d'engraissement sous des conditions améliorées (tableau 8).

Tableau 8 : Exemples de races camelines à viande

Race	Pays d'élevage	Caractéristiques
<i>El jandawel</i>	Mauritanie	-Grande taille -Poids lourds -Couleurs foncées
<i>Delta</i>	Egypte	-Grande taille -Muscles développés -Supporte les charges lourdes
<i>El fellahi</i>	Egypte	-Grande taille -Squelette lourde -Pas lent

(Source : Wardeh, 2004)

11.2. Dromadaire à vocation lait

Les chamelles laitières sont caractérisées généralement, par une production laitière supérieure à 2500 litres/lactation. Le lait de chamelle comparé au lait de vache est moins riche en matière grasse et en lactose et plus riche en potassium, en fer et en vitamine C. Dans plusieurs pays du Golf, l'élevage des femelles est essentiellement pour la production laitière. Le tableau 9 résume les caractéristiques de quelques races laitières.

Tableau 9 : Exemples de races camelines laitières

Race	Pays d'élevage	Production en (Kg)
<i>Hoor</i>	Somalie	800-2800 par lactation
<i>Rachaida</i>	Soudan	2000-3000 par lactation
<i>Challageea</i>	Soudan	15-18 par jour
<i>Sirtawi</i>	Libye	3000-4000 par 305 jours
<i>Ouled Sidi Cheikh</i>	Algérie, Maroc et Mauritanie	2000-3500 par 305 jours
<i>Fakhreya</i>	Libye	3500 par lactation

(Source : Wardeh, 2004)

11.3. Dromadaires à vocation mixte

Ce sont des animaux médiums ou de grande taille. Ces animaux peuvent produire une quantité importante du lait (1000-1500 kg/lactation). Ils ont aussi une croissance relativement élevée. Dans le tableau 10 figurent quelques caractères des races mixtes.

Tableau 10 : Quelques races camelines mixtes

Race	Pays d'élevage	Caractéristiques
<i>Maghrebi</i>	Egypte, Maroc, Algérie, Libye et Tunisie	-Taille variable -Couleur variée
<i>Tibisti</i>	Libye et Tchad	-Petite taille -Coureur
<i>El majaheem</i>	Arabie Saoudite	-Grande taille -Couleur noire -Production laitière élevé
<i>El khawar</i>	Syrie et l'Iraq	-Poids adulte 665Kg pour le mâle et 540 kg pour la femelle. -Production du lait : 1800-2000 par 15-18 mois.

(Source : Wardeh, 2004)

11.4. Dromadaire de course

La sélection et l'élevage de dromadaire de course a pris une place prépondérante par les propriétaires individuels des animaux. Cependant, après plusieurs années de l'élevage traditionnel de dromadaires dans les régions arides aux pays du Golf, cet élevage a évolué d'une manière spectaculaire afin de produire un animal typique de course et présente des caractères de vitesse et d'endurance (Faye, 1997; Isam et Osman, 2005).

Partie expérimentale



CHAPITRE I : MATERIEL ET METHODES

1. Objectifs

Face à la difficulté de reconnaître l'existence des espèces sur les seules critères morphologiques, les généticiens d'aujourd'hui utilisent de plus en plus d'autres informations venant notamment de la génétique. Les deux méthodes (morphologique et moléculaire), même si elles ne donnent toujours pas des résultats convergents, ont permis de caractériser les espèces bovines, ovines, caprines, aviaires et équines (Paugy et Lévêque, 1999).

La présente étude traite de la variabilité génétique des ressources génétiques animales ; elle a comme objectif principal de caractériser la diversité génétique de la population cameline «Tergui» dans la région du Hoggar en se basant sur les critères phénotypiques (morphométriques) et moléculaires. Elle a pour objectifs spécifiques: (i) - de décrire la différenciation morphologique interspécifique de la population étudiée, (ii) - de caractériser la variabilité génétique des individus qui composent la population étudiée, (iii) - de combiner les variations morphologiques et génétiques pour la détection de caractères adéquats pour différencier race et phénotype, et, (iv) - d'examiner la variabilité morphologique inter et intra spécifique.

2. Méthodologie mise en œuvre

2.1. Présentation et choix de la zone d'étude

Selon Quezel (1965), le Sahara central comprend non seulement le massif central saharien Ahaggar et ses annexes tassiliennes, mais aussi les bas pays environnants ainsi que le versant septentrional du Tibesti (Tchad). Il couvre une superficie d'un peu plus d'un million de Km².

L'Ahaggar est la partie la plus méridionale du Sahara algérien. Il est approximativement compris entre 21° - 25 ° de latitude Nord et entre 3° - 6° de longitude Est. Il est traversé par le tropique du cancer à 80 km au Nord de Tamanrasset, soit à 22°33' de latitude Nord.

Compte tenu de l'immensité de la wilaya de Tamanrasset (soit 24 % de la superficie nationale 2.381.741 Kms²) et de la diversité de son milieu, il a été procédé à un découpage en trois zones distinctes :

- Le Tidikelt (Nord),
- le Hoggar (Centre),
- et le Tin-Seririne (la bande frontalière).

L'Ahaggar (Hoggar) qui constitue la partie centrale couvre une superficie de l'ordre de 335 565,5 km², soit 60 % de la superficie globale de Tamanrasset (557 906, 25 km²). C'est une région à activité volcanique et représente une exception géographique. C'est la seule montagne du Sahara algérien qui culmine à plus de 3 000 mètres. Elle se subdivise en plusieurs régions naturelles et ceci en fonction du type de végétation qui colonise chaque territoire. Elle est délimitée :

- Au Nord par le plateau de Tidikelt et le Touat,
- A l'Est par les falaises du Tassilli N'Ajers,

- A L'Ouest par la plaine de Tanezrouft,
- Au Sud et Sud-est par l'Adrar des Ifoghas.

Elle accroche donc le Front Intertropical et reçoit ainsi une quantité de pluie bien supérieure à celle qui tombe ailleurs. Il y a donc généralement, là seulement, un pâturage minimum qui permet l'élevage du dromadaire et des chèvres. Les nomades pouvant ainsi vivre quasiment " sur place ". En outre, ses biotopes particuliers recèlent une large diversité d'espèces particulières adaptées à ces environnements très hostiles et très contraignants. Elle présente en plus une variabilité très remarquable pour sa production animale ; de nombreuses espèces sont prises en considération comme notamment le cheptel camelin : populations, races et phénotypes très hétérogènes qui impliquent une large base génétique pour notre travail.

2.2. Les enquêtes

L'étude est menée dans toute la région du Hoggar sur une durée de deux ans. Deux enquêtes ont été conduites sur le terrain : dans un premier temps, une pré-enquête a été élaborée afin de procéder au choix des localités, des aires de distribution et du degré de la diversité des phénotypes rencontrés avec un maximum de représentativité (FAO, 2012^b). La prospection a été assurée grâce à la collaboration des cadres de la direction des services agricoles (DSA), de la chambre de l'agriculture de la wilaya (CAW) et les associations d'éleveurs camelin de la région. Cette étape est cruciale pour la planification et l'élaboration du plan de l'échantillonnage du fait que les éleveurs sont en mouvement perpétuel. Les premiers éléments d'informations récoltés de la pré-enquête ont conduit dans une deuxième étape à l'enquête proprement dite sur un total de 11 localités couvrant une grande partie du territoire de la wilaya de Tamanrasset: Tamanrasset, Izernene, Asskrem, Tin-Amzi, Tarahnent, Izerzi, In-Amguel, Hirafok, Silet, Abalessa, tout en respectant la représentativité des phénotypes camelins existants (Figure 19).

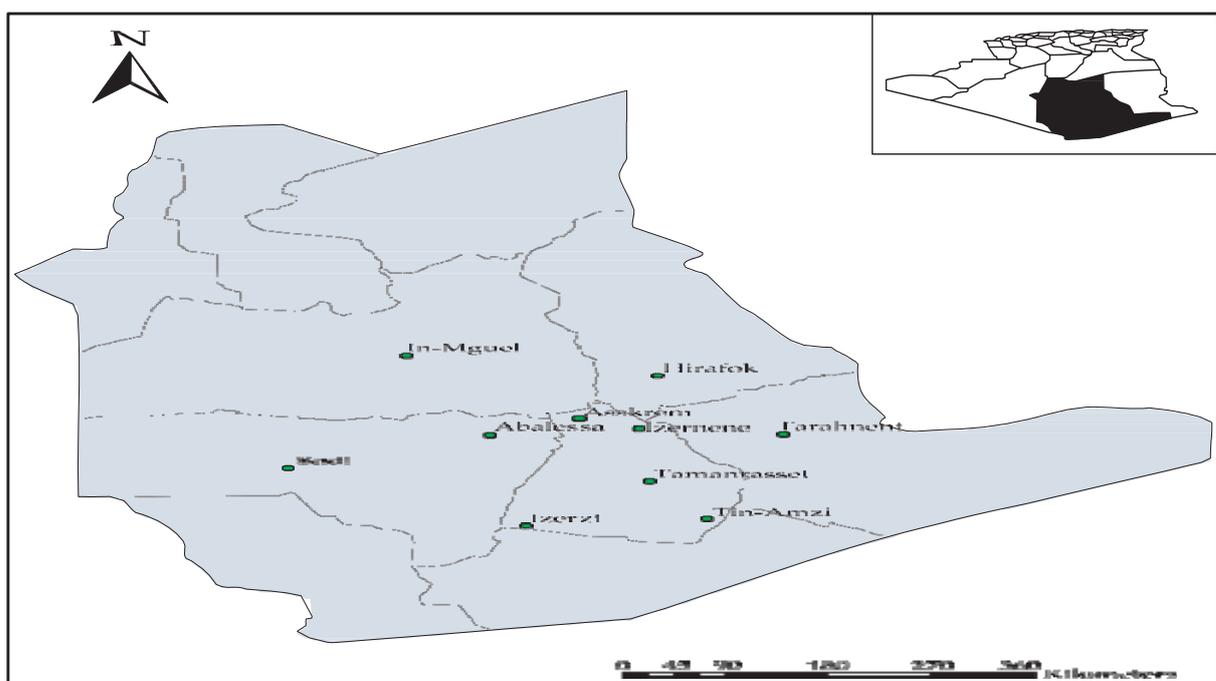


Figure 19 : Carte de Tamanrasset montrant les zones d'échantillonnage.

2.3 . Stratégie et principe d'échantillonnage

Méthodologiquement, l'étude de la diversité génétique des dromadaires présente une complexité de mise en œuvre de certaines mesures dues essentiellement à l'agressivité de l'animal, à sa grande mobilité et ses perpétuels déplacements dans le désert. La population étudiée «Tergui» présente des différenciations diverses des phénotypes rencontrés: *Amelal*, *Abahou*, *Azerghaf*, *Alemlagh* et *Atlagh*. Selon les informations récoltées au cours de la pré-enquête et l'enquête proprement dite auprès des éleveurs de la zone d'étude, d'autres phénotypes ont disparu à la suite des échanges de matériel génétique effectués lors des déplacements, des abattages, des achats de reproducteurs entre les éleveurs de la rive sud sub-saharienne et les régions de Tamarasset, d'Adrar et d'Illizi, combinés à la forte consanguinité ce qui induit une déviation de l'équilibre d'Hardy Weinberg (perte d'hétérozygotie) et par conséquent une perte de diversité.

2.3.1. Identification des variables

2.3.1.1.Méthodologie

La méthodologie basée sur «l'espèce-sans-dimension» (grandeur sans dimension spatio-temporelles) a été utilisée pour l'analyse systématique des individus de la population cameline «Tergui». Cette méthode a été utilisée parce qu'elle est la plus adaptée à la résolution des problèmes d'identification et de caractérisation et son application a eu beaucoup de succès pour la caractérisation de plusieurs espèces notamment chez les camelins (Harek, 2008). L'expression "espèce-sans-dimension" a été utilisée pour désigner un concept d'espèce caractérisée par la richesse des races avec un mouvement perpétuel de la population étudiée, sans considération des dimensions spatio-temporelles.

L'espèce peut ainsi être délimitée en utilisant ses caractéristiques propres des phénotypes rencontrés sans les dimensions spatio-temporelles. Les étapes de cette méthode se présentent comme suit :

-Les données issues des enquêtes et d'échantillonnage sont soigneusement examinées. Parallèlement, un autre examen est basé sur les données de la littérature relative aux espèces de la population cameline «Tergui» citées ou décrites dans la zone étudiée. A partir de ces données bibliographiques, les caractères qui peuvent permettre la compréhension du groupement des spécimens en populations naturelles sont déterminés. Il s'agit des différents descripteurs morphologiques, métriques et géographiques. Cette première étape permet de regrouper les individus de la population étudiée en races et par plusieurs groupes appelés écotypes et/ou morphotypes (phénotypes) selon l'identification des éleveurs camelin de la région.

-Les phénotypes (écotypes) de chaque zone géographique sont comparés avec ceux des différentes régions prospectées. Ainsi, de proche en proche, l'examen est étendu à tous les régions de la zone étudiée. Cette démarche présente l'avantage de déterminer l'existence d'une ou de plusieurs espèces et/ou des phénotypes typique de la population étudiée à une localité de la région.

-Les échantillons des différentes espèces supposées appartenir à la même population sont comparés dans un ordre morphologique, géographique et raciale logique. Ces comparaisons font ressortir les similarités et les différences entre ces espèces.

-Les groupes identifiés (races et espèces) et définis sont assignés chacun à un phénotype ou un morphotype. Les espèces reconnues valides sont décrites, et une carte de description est proposée et dans la mesure du possible, une clé d'identification pratique est élaborée pour chaque phénotype qui compose la population cameline « Tergui » dans la région étudiée.

2.3.1.2. Identification des caractères étudiés

L'identification des caractères est basée sur l'analyse de divers caractères relevés sur les individus qui sont définis, d'après Harek (2008) et Longo-Hammouda *et al.*, (2011) comme étant des caractères reconnus en tant qu'unité typique à chaque niveau de la classification hiérarchique des individus échantillonnés. Un caractère doit être reconnaissable par un ou plusieurs attributs propres et avoir une identité pour un individu spécifique. Selon Sneath et Sokal (1973) et Darlu et Tassy (1993), un caractère est donc tout attribut observable ou mesurable d'un organisme ou d'un individu. C'est à partir des caractères qu'on peut faire des comparaisons entre les individus et déterminer les relations qui existent entre eux.

Afin de quantifier et qualifier les caractères, les mensurations sur les individus échantillonnés, il faut prendre en considération :

- La zone d'étude ;
- L'animal mesuré appartient à la population «Tergui», la race et les phénotypes sont déterminés par l'éleveur ;
- L'âge de l'animal (> 6 ans) et le sexe :
- Les mensurations morphologiques : les mesures ont été faites sur l'animal en position debout. Quelques mesures telles que les tours et les longueurs peuvent être réalisées en position baraquée.

Détermination du poids vif à l'aide de la formule de Boue (1948): $PV = 53 TP \times TV \times HG$. Le choix de cette formule est motivé surtout parce qu'elle a été utilisée par Ayad (1996) sur le dromadaire du Sahara septentrional de la population «Sahraoui».

Le matériel utilisé pour réaliser les différentes mensurations corporelles est rapporté dans le tableau 11.

Tableau 11 : Désignation du matériel utilisé

Matériels	Utilisation	Composition
<i>Toise</i>	- Utilisée pour mesurer les hauteurs du corps de l'animal.	Se compose d'une règle graduée sur une face et d'une branche formant un angle droit avec la règle.
<i>Ruban métrique</i>	- Utilisé pour mesurer les différents tours, longueurs, largeurs, et les profondeurs du corps	Ruban gradué
<i>Appareil photo</i>	- Utilisé pour les photographies de quelques espèces prises au hasard	

2.3.1.3. Choix des variables

Le choix des caractères a été effectué selon les critères utilisés dans les travaux antérieurs sur les camelins. Ce sont la stabilité des caractères au sein des individus de la population cameline, la pertinence des descripteurs dans la discrimination des espèces les unes des autres, l'existence des caractères sur les individus à classer et à identifier et la comparabilité des attributs avec les descriptions antérieures faites par d'autres auteurs (Harek, 2008; Longo-Hammouda *et al.*, 2011).

En plus de ces quatre critères, les conditions complémentaires suivantes ont été définies dans la sélection des caractères : ils doivent être observables et enregistrables avec des instruments (toise et ruban) et avoir peu de variations intraspécifiques.

2.3.1.4. Types de caractères

Les caractères choisis pour l'étude de la population cameline qui sont de deux types, quantitatifs et qualitatifs, sont abordés par rapport aux *localités*, aux «*raças*» et aux *phénotypes*. Les caractères quantitatifs sont de deux types : continus et discrets. Les caractères continus ou morphométriques concernent les différentes mensurations effectuées sur les individus. Les caractères quantitatifs discrets ou caractères méristiques (données numériques) définissent la mesure de certains descripteurs du corps tels que la hauteur au garrotetc. Par contre, les caractères qualitatifs représentent les attributs morphologiques, notamment la couleur de la robe de chaque individu. Les données géographiques concernent les localités d'échantillonnage.

Les individus échantillonnés dans les localités prospectées peuvent présenter des caractères spécifiques propres, mais restent peu fiables du fait des déplacements perpétuels de l'animal.

Un ensemble de codes est utilisé pour les variables quantitatives et qualitatives étudiées pour la préparation de la matrice pour l'analyse statistique (Tableau 12).

2.3.1.5. Les données de base du traitement des échantillons

Le profil génétique a été réalisé à partir des paramètres jugés héréditaires pour la description et la caractérisation de l'espèce cameline. Les données sont recueillies sur un total de 520 individus (dont 232 femelles) à l'aide d'une fiche d'enquête utilisée pour consigner l'ensemble des relevés (mensurations et observations) de chaque individu examiné, ce qui nous a permis de rassembler les informations sur la région du pâturage et les paramètres de l'animal. Au total, 3 paramètres sont observés : l'âge (ans), le sexe et la couleur de la robe (appellation locale). De plus, 24 caractères morphologiques sont mesurés (Figure 20). Les mesures ont été effectuées à l'aide d'une toise et quelques photos des échantillons représentatifs prises au hasard.

Ces données sont standardisées afin d'éviter les variations dimensionnelles des mesures entre les individus de la population en modifiant les valeurs afin de fixer la moyenne et la variance. Cette standardisation repose sur la relation entre la dimensionnalité des données morphométriques et la taille des individus.

Les variables qualitatives ont été codées de manière à permettre une transcription des données collectées afin de rendre numériques celles qui ne le sont pas (variables qualitatives). Cette étape est nécessaire pour l'exploitation et la transformation de données littéraires en données numériques.

Les caractéristiques retenues ont été codifiées de la façon suivante : le numéro 0 et 1 pour indiquer respectivement la présence ou l'absence de la couleur sur l'individu. Rubin (1967) et Kaufman et Rosseeuw (1990 in Pareira *et al.*, 1996) ont utilisé une codification en analyses en composantes principales pour traiter les données d'un tableau à variables quantitatives et qualitatives touchant aux données morphologiques pour la caractérisation génétique. Pour notre cas, un caractère multinomiale à 05 couleurs doit avoir 05 variables nominales à savoir: Amelal, Abahou, Atlagh, Alemlagh et Azerghaf sachant qu'un individu ne peut être représenté qu'avec une seule variable.

Tableau 12 : Significations et codes utilisés pour les variables quantitatives et qualitatives

Variables	Codes	Significations
Variables quantitatives	HP	Hauteur à la poitrine
	HG	Hauteur au garrot
	Hge	Hauteur au genou
	Hbo	Hauteur à la bosse
	Hba	Hauteur au bassin
	HCr	Hauteur à la croupe
	LCp	Longueur du corps
	LTr	Longueur de tronc
	Lba	Longueur au bassin
	Lte	Longueur de la tête
	LO	Longueur des oreilles
	Lco	Longueur cou
	LQ	Longueur de la queue
	LGi	Longueur gigot
	LCh	Longueur à la charge
	LTra	Largueur au tranchanter
	PP	Profondeur de poitrine
	Tbo	Tour à la bosse
	TP	Tour à la poitrine
	TSt	Tour au sternum
	Tca	Tour au canon
	Tcou	Tour au coussinet
	TVB	Tour de bas ventre
	DT	Distance entre deux trayons
	DDT	Distance diagonale entre deux trayons
	Age	Années (Déterminé par la dentition)
	Poids	Kg
Sexe	Mâles et femelles	
Variables qualitatives	Race	Identification de l'appellation par les éleveurs (sous population connue par les éleveurs).
	Type de Couleurs (phénotypes)	Couleur de la robe (types de dromadaires existants dans la région).

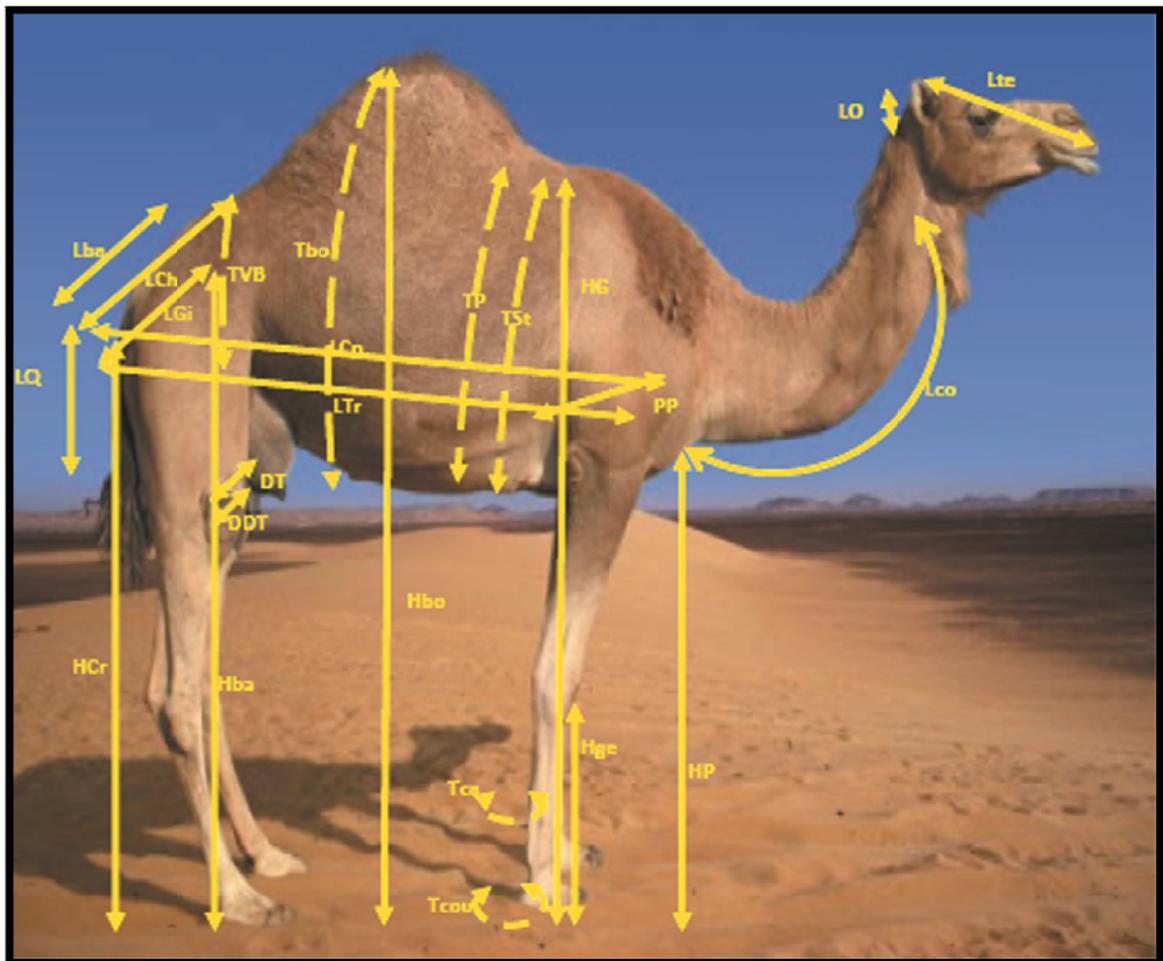


Figure 20 : Schématisation des variables morphologiques utilisées chez le dromadaire «Camelus dromedarius».

3. Méthodes statistiques d'analyse morphologique

La méthodologie d'analyse des données est basée sur l'étude de la diversité génétique des populations camelines «Tergui» à travers les profils génétiques visibles et mesurables dans la région du Hoggar. La description de ces populations est basée sur les données qui caractérisent les profils morphométriques et biométriques.

La méthode de l'espèce-sans-dimension exige que le relevé des paramètres métriques, méristiques, morphologiques ou autres, soit fait sur un grand nombre d'individus de la population étudiée. Plusieurs comparaisons sont d'abord faites entre les individus. Les différences entre eux «caractère par caractère» sont notées. Ensuite, des groupes-phénotypes sont constitués et les variations intra et interspécifiques sont mises en évidence. Enfin, un outil mathématique est choisi pour synthétiser l'information afin d'obtenir une meilleure représentation des résultats et surtout de les confirmer.

Cette démarche facilite la prise de décision définitive sur la classification ou l'identification des individus. Ainsi, plusieurs types d'analyses statistiques ont été utilisés. Il s'agit des statistiques univariées et multivariées. Les données métriques et méristiques ont été traitées séparément parce que ces deux types de variables sont différents statistiquement et biologiquement (Ihssen *et al.*, 1981). Les caractères métriques sont continus et plus modifiables par l'environnement alors que les descripteurs méristiques sont discrets et fixés au-delà d'un certain âge.

L'hypothèse de départ suppose que ces populations sont toutes semblables. Pour confirmer ou infirmer cette hypothèse, nous avons procédé à une analyse individuelle des caractères quantitatifs et qualitatifs (analyse uni-variée), ensuite montrer les éventuelles interactions existantes entre les différents caractères (analyse multi-variée) sachant qu'un caractère est défini comme un trait observé dans un groupe d'êtres vivants. Par ailleurs, les états d'un caractère sont les différentes formes que peut prendre ce dernier (Moura, 2002).

3.1. Analyse uni-variée des profils quantitatifs

Les analyses statistiques ont concerné la statistique descriptive, les tests statistiques tels que le *t* de Student pour variables indépendantes, l'analyse de variance (ANOVA) à un facteur et la régression linéaire dans le but de modéliser une variable dépendante quantitative par une variable explicative.

Au niveau de la statistique descriptive, les paramètres de tendance centrale tels que la moyenne et la médiane ont été calculés pour chaque espèce. En outre, les paramètres de dispersion tels que l'erreur type sur la moyenne, l'écart type, l'étendue (minimum-maximum) et le coefficient de variation ont été déterminés. Ces statistiques ont permis de décrire et de faire ressortir les limites de variation des caractères. Par ailleurs, celles-ci sont indispensables pour la détermination des variations inter et intra spécifiques. A l'exception du coefficient de variation (CV), toutes les statistiques ont été obtenues à l'aide du logiciel *XLSTAT Addinsoft*. Ce coefficient se calcule selon la formule suivante (Zar, 1999) :

$$CV_i = \left(\frac{\sigma_i}{\mu_i} \right) \times 100$$

σ_i = écart type de la variable *i* pour les individus considérés ;

μ_i = moyenne de la variable *i* pour les individus considérés.

Selon la valeur de CV_i , trois structures de l'ensemble étudié sont mises en évidence :

si CV_i est inférieur à 2 %, le groupe est très homogène ;

si CV_i est compris entre 2 et 25 %, le groupe est homogène ;

si CV_i est supérieur à 25 %, le groupe est hétérogène.

Ce coefficient a également permis de soustraire des bases de données des variables pour lesquelles le groupe étudié est très homogène ($CV \leq 2\%$).

L'analyse uni-variée permet de déterminer la qualité et la distribution des caractères choisis, «caractère par caractère». De plus, nous avons étudié les groupements et les dispersions des échantillons. En premier lieu, vérifier l'indice de représentativité de la valeur globale des échantillons pour justifier l'usage des résultats de l'enquête, par la suite, nous avons utilisé la moyenne des variables pour l'analyse des variables quantitatives (27 caractères mesurables) d'une part, et d'autre part, vérifier l'hypothèse de la ressemblance des populations pour les cas étudiés ; par **localité**, par **race** et par **phénotype** et non pas des individus, ce qui montre les variations des différents caractères représentées dans la boîte à moustache.

Dans la présente étude, nous avons comparé les valeurs moyennes des paramètres entre les différents groupes-espèces deux à deux. Les conditions requises pour l'application de ce test sont l'indépendance des données, la taille de l'échantillon (les échantillons de grande taille ($n \geq 30$ pour chaque groupe espèce) sont supposés avoir une distribution normale), la normalité de la distribution des données lorsque $n \leq 30$ (La normalité a été déterminée) et l'homogénéité des variances.

- Tableau des données

Une table est un ensemble de données organisées sous forme d'un tableau de données brutes. Par définition, nous désignons par I, l'ensemble des lignes ou des observations et par J, l'ensemble des colonnes ou des variables. Chaque observation i est représentée par une variable j dans le tableau des données brutes formant ainsi un ensemble de valeurs X_{ij} .

▪ Les identificateurs

Certaines informations ont pour but d'identifier les individus (âge et sexe) et ne doivent pas être considérées comme des descripteurs puisqu'elles ne rentrent dans aucune analyse, mais elles servent à l'interprétation des résultats statistiques.

3.2. Analyse uni-variée des profils qualitatifs

3.2.1. Description des profils qualitatifs

Les profils étudiés ont été établis dans le but de conduire et de dresser les profils phénotypiques. Le profil phénotypique de la population consiste en la description de cinq caractères qualitatifs à travers l'estimation de leurs fréquences absolues par localité, par race et par écotype (Tableau 13).

Tableau 13 : Phénotype des caractères à effet visible chez le dromadaire «Tergui»

Organes	Caractères	Phénotypes
Corps de l'animal	Couleur de la robe	Amelal
		Abahou
		Alemlagh
		Atlagh
		Azerghaf

- Tableau des données

Pour l'analyse des variables qualitatives, le même tableau des données brutes a été utilisé, seulement, au lieu des variables quantitatives, nous avons utilisé le total des fréquences absolues par localité, par race et par écotype c'est-à-dire la somme des fréquences des caractères présents pour une variable quelconque (absolue pour le profil phénotypique).

3.2.2. Analyse de la variance ANOVA

L'analyse de la variance et l'analyse factorielle sont des techniques permettant de savoir si une ou plusieurs variables dépendantes (variables à expliquer) sont en relation avec une ou plusieurs variables dites indépendantes (variables explicatives). Sur l'ensemble des variables quantitatives, nous devons déterminer s'il existe une différence significative entre les individus par leur emplacement (localités), par les types qui constituent la population et par les races existantes dans la région c'est-à-dire l'influence du milieu sur les races et les écotypes représentés par des variables quantitatives sachant que pour l'analyse d'ANOVA à un facteur (localités, races et phénotype), le test est non équilibré puisque le nombre de répétitions n'est pas le même pour les différentes localités, races et phénotypes.

L'analyse de variance (ANOVA) est l'équivalente du test *t* de Student lorsqu'il y a plus de deux ou plusieurs populations à comparer. Elle a été suivie du test de comparaison multiple de différence significative. Le test a été utilisé pour évaluer la différence du nombre d'individus présentant un caractère morphologique particulier entre des groupes-espèces.

- Tableau des données

Le tableau des données est le tableau des caractères quantitatifs formé en colonnes par l'ensemble des variables quantitatives et en lignes par l'ensemble des individus (520 individus dont 232 femelles) pour l'ensemble des localités, races et phénotypes sachant que le nombre des individus par localité n'est pas le même (facteurs non équilibrés).

- **La régression** distingue habituellement la régression simple (une seule variable explicative) de la régression multiple (plusieurs variables explicatives). Le principe de la régression linéaire est de modéliser une variable dépendante quantitative *Y* au travers d'une combinaison linéaire de *p* variables explicatives quantitatives, X_1, X_2, \dots, X_p . Le modèle déterministe (ne prenant pas en compte

d'aléa) s'écrit pour une observation i : $y_i = a_1x_{1i} + a_2x_{2i} + \dots + a_px_{pi} + e_i$. Le cadre statistique et les hypothèses qui l'accompagnent ne sont pas nécessaires pour ajuster ce modèle.

La minimisation par la méthode des moindres carrés (la somme des erreurs quadratiques e_i^2) fournit une solution analytique exacte. Néanmoins, si l'on veut pouvoir tester des hypothèses et mesurer le pouvoir explicatif des différentes variables explicatives dans le modèle, un cadre statistique est nécessaire. Par les hypothèses de la régression: les erreurs e_i^2 suivent une même loi normale $N(0, \sigma)$ et sont indépendantes. L'écriture du modèle complétée par cette hypothèse a pour conséquence que dans le cadre du modèle de régression linéaire, les y_i sont des réalisations de variables aléatoires de moyenne μ_i et de variance σ^2 .

3.3. Analyse multi-variée

Contrairement aux statistiques univariées qui ne traitent qu'une ou deux variables à la fois, les méthodes d'analyses multidimensionnelles s'intéressent à l'ensemble des caractères (Bouroche et Saprotta, 1992). Deux techniques multivariées ont été utilisées : l'analyse en composantes principales (ACP) et l'analyse de classification hiérarchique (CAH). L'analyse en composantes principales (ACP) permet d'effectuer une bonne synthèse de l'information contenue dans les variables étudiées en réduisant les dimensions de la matrice originale tout en minimisant la perte de l'information (Brito *et al.*, 2006). Elles sont recommandées dans le traitement des données tant méristiques que morphométriques et largement utilisées dans les travaux de variabilité morphologique touchant à d'autres espèces domestiques. Pour toutes ces analyses, à l'exception de l'analyse de classification hiérarchique, tous les caractères morphométriques ont été transformés en leur logarithme décimal ($\log(x+1)$) afin de les normaliser, de linéariser les relations exponentielles de type allométrique de croissance (Humphries *et al.*, 1981 ; Bookstein *et al.*, 1985) et de réduire les différences de variance entre les variables (Macholán *et al.*, 2008).

L'analyse Multi-variée permet donc de passer à un niveau d'analyse plus approfondi par la confrontation des différentes distributions pour analyser de façon précise les interactions entre les variables sélectionnées et d'essayer de mettre en évidence des combinaisons plus ou moins systématiques de variables et de dégager les composantes qui structurent les populations étudiées. Les méthodes d'étude de l'ensemble des caractères reposent sur les principes de l'analyse statistique multidimensionnelle (Jivotovski, 1985).

3.3.1. Analyse en composantes principales (ACP)

L'analyse en composantes principales (ACP) a été utilisée pour évaluer la variation morphométrique entre les individus du dromadaire et identifier les variables susceptibles de contribuer plus à cette variation. Dans notre étude, trois matrices ont été constituées et séparément soumises à l'ACP à l'aide du logiciel *XLSTAT^{ADINSOFT}*. La première matrice est composée des caractères morphométriques et la seconde est constituée des descripteurs méristiques dans laquelle les variables nécessitent des transformations.

La matrice des valeurs propres représente les contributions ou les poids des composantes principales dans l'analyse. Aussi, permet-elle de voir la proportion de la variance totale exprimée

par chaque axe et celle expliquée par les axes choisis pour les différentes représentations. Tous les axes ayant une valeur propre supérieure ou égale à 1 ont été considérés comme importants. La matrice des saturations ou des coefficients de corrélation indique l'importance des relations liant les axes (nouvelles variables réduites) aux variables originales (paramètres bruts d'origine). Dans cette étude, la corrélation est dite forte entre un descripteur et un axe lorsque le coefficient de corrélation est supérieur ou égal 0,70. La matrice des coordonnées des spécimens permet de représenter graphiquement les individus dans les plans des composantes principales prises deux à deux.

- **Tableau des données**

Le même tableau utilisé pour l'analyse univariée pour les caractères quantitatifs est utilisé pour l'Analyse en Composantes Principales. Ce tableau est formé des moyennes des valeurs quantitatives pour les 27 caractères étudiés.

Chaque valeur dans la même ligne correspond à une localité sur un total de 11 localités, une race sur 03 races et un phénotype sur 05 phénotypes.

3.3.2. Classification ascendante hiérarchique (CAH)

La classification Ascendante Hiérarchique est une des méthodes d'analyse qui consiste à résumer les relations entre unités taxonomiques opérationnelles par une structure simplifiée, à partir de la matrice des correspondances (Benzecri, 1984).

- **Caractéristique de la CAH**

En général, les classifications procèdent par la partition d'un ensemble de variables en un système de classes disjointes. Dans les classifications hiérarchiques, chaque classe peut être subdivisée au niveau inférieur ou regroupée au niveau supérieur de la hiérarchie. Les résultats obtenus sont de la sorte qu'ils peuvent être synthétisés graphiquement sous la forme de dendrogramme.

L'objectif de l'analyse de la classification hiérarchique (CAH) est de rassembler des objets (par exemple des groupes-espèces ou d'écotypes) dans des classes de plus en plus larges, en utilisant certaines mesures de similarité ou de distance. Les résultats de ce type de classification sont habituellement représentés sous la forme d'un dendrogramme (arbre de classification hiérarchique). Dans notre étude, elle a été utilisée pour rassembler soit les groupes espèces, soit les différentes races et écotypes selon leurs similarités morphologiques.

Pour le rassemblement des groupes-espèces, l'analyse de classification hiérarchique a été effectuée sur les valeurs moyennes des caractères étudiés (Sokal et Rohlf, 1995). Au niveau des populations camelines étudiées, la distance d'agrégation déterminée par l'ACP a été utilisée comme base tel que recommandé par Dryden et Mardia (1998). Dans les deux cas, la méthode de Ward appliquée à la distance euclidienne a été utilisée parce qu'elle met plus l'accent sur les distances intergroupes. A chaque pas de l'algorithme, elle fusionne les deux classes qui présentent la plus faible distance interclasses (Ward, 1963).

Choix d'une distance

L'efficacité de la CAH dépend essentiellement du choix de la distance utilisée. Notre choix est porté sur la distance Euclidienne pour décrire la similarité et la distance de Pearson pour décrire la dissimilarité entre les populations.

Sachant que l'ACP et la CAH sont complémentaires, elles sont le plus souvent utilisées conjointement pour analyser un problème donné. Pour cela, il est important de comparer les résultats obtenus par l'ACP avec ceux de la CAH pour pouvoir déduire la distance qui explique le mieux cette classification.

- Tableau des données

Le tableau utilisé comporte 11 localités, 03 races et 05 phénotypes avec 27 caractères quantitatifs. L'avantage de cette méthode est la simplicité des interprétations et la clarté des résultats. Toutefois, ces résultats nécessitent une analyse critique des dendrogrammes issus de l'analyse. Il représente de manière claire la façon dont l'algorithme procède pour regrouper les individus puis les sous-groupes. Au final, l'algorithme a progressivement regroupé toutes les observations. La ligne en pointillé représente la troncature et permet de visualiser que les groupes homogènes ont été identifiés.

4. Méthodes d'analyses moléculaires

4.1. Echantillonnage et extraction de l'ADN

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

Généralement, un échantillon de 20 à 50 individus par race a été 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 hautement consanguine, et plus élevé dans le cas d'une population largement répandue, divisée en race et phénotypes différents (Nei et Roychoudhury, 1974; Nei, 1978). Idéalement, l'échantillonnage devrait être représentatif de la population que l'on veut étudier. C'est pour cela que la FAO recommande l'utilisation d'un critère géographique où un seul animal ou très peu d'animaux (non apparentés) sont échantillonnés par troupeau et dans des zones géographiques différentes (Parker *et al.*, 2004).

Dans le cadre de cette étude, des prospections sur le terrain ont été réalisées afin de monter la première biothèque d'ADN camelin. Cette collection est nécessaire à la caractérisation et le typage de la population étudiée, leur distribution géographique, leur mode de gestion et leur environnement. Quelques prélèvements ont fait l'objet d'un typage ayant le même âge, à raison de deux prélèvements par animal.

Des échantillons de sang provenant de 120 individus sur un total global de 520 camelin échantillonnés pour l'étude, représentent 5 phénotypes de la population «Tergui» à savoir: Abahou (47,126%) (Fig de 18F, 18G, 18H), Amelal (29,885%) (Figure 18A, 18i), Alemlagh (4,597%) (Figure 18i), Atelagh (13,793%) (Figure 18c, 18e), Azerghaf (4,597%) (Figure 18b), dans la région du Hoggar (Sud algérien). 5 ml de sang ont été recueillis dans des tubes EDTA (0,5 mM, pH 8,0). L'ADN génomique a été extrait du sang total en utilisant le kit sang et les tissus Stratagen DNeasy.

Les moyens disponibles permettaient de génotyper 120 échantillons répondant aux critères d'échantillonnage définis précédemment (les échantillons non apparentées). Toutefois, il a été décidé d'éliminer les échantillons suspects. Les 87 échantillons restants sont composés de : 42 Abahou (Ab), 27 Amelal (Am), 5 Alemlagh (Al), 11 Atlagh (At) et 2 Azzerghaf (AZ) (Figure 21 et tableau 14).

4.2. Prélèvement du sang

Le dromadaire est souvent difficile à maîtriser particulièrement le mâle ; il peut être nécessaire d'assurer une contention de l'animal, ainsi que de le mettre en position naturelle de repos dite de « baraqué » : l'animal étant placé en décubitus sternal avec les membres repliés sous lui. Même avec cette position, la prise de sang sollicite l'aide des éleveurs pour maintenir l'animal ce qui facilite la stase veineuse et permet d'éviter le risque d'agression ou de blessure de l'animal. Des tubes stériles sous vides avec bouchons transperçables contenant l'acide éthylène-tétra-cyclique (EDTA) ont été utilisés pour les prélèvements de sang. Lors du prélèvement, l'aiguille est insérée dans la veine jugulaire de l'animal, le sang collecté est introduit dans les tubes EDTA où un volume de 5ml est collecté. Le sang est conservé sur place dans le sac iso thermique puis à -20°C au niveau du laboratoire.

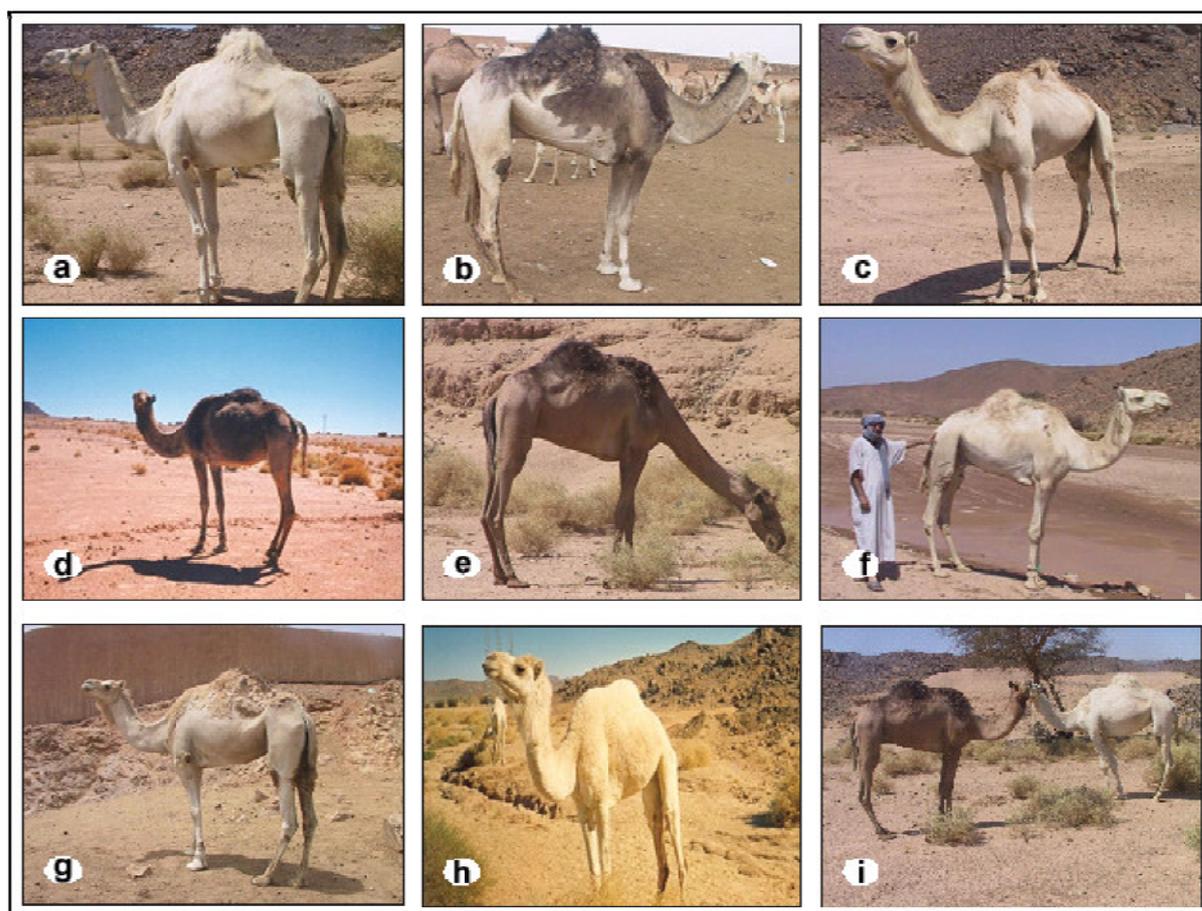


Figure 21 : Les différentes races de dromadaires algériens dans la région du Hoggar

a : Amelal Femelle (izerzi), **b**: Azerghaf Mâle (Tamanrasset), **c**: Atllagh mâle (izerzi),
d: Marouki mâle (Ideles), **e**: Atlagh mâle (Izerzi), **f**: Abahou mâle (Izerzi),
g: Abahou mâle (Tamanrasset), **h**: Abahou mâle (Izerzi), **i**: Alemlagh et Amelal mâle (Izerzi)

Tableau 14 : Répartition des échantillons explorés (nombre et sexe)

Localités	Nombre d'animaux Cumulés	Dromadaire Mâles	Chamelles	Nombre de phénotypes Echantillonnés avec prélèvement
Abalessa	51	31	20	42 Amelal (29,885%)
Asskrem	33	13	20	27 Abahou (47,126%)
Hirafok	19	11	8	5 Alemlagh (4,597 %)
In-Amguel	72	43	29	11 Atelagh (13,793%)
Izernene	23	9	14	2 Azerghaf (4,597%)
Izerzi	27	9	18	
Silet	47	30	17	
Tamanrasset	122	96	26	
Tarhnent	26	2	24	
Tin-amzi	15	3	12	
Tin-Tarabine	85	41	44	87
Total	520			

4.3. Extraction de l'ADN par la technique STRATAGENE

4.3.1.Principe

De nombreux procédés d'extraction des acides nucléiques ont été décrits. L'objectif de ces méthodes de purification est aussi d'éliminer les contaminants qui pourraient perturber les techniques effectuées par la suite (Bienvenu et *al.*, 1999).

La méthode utilisée est l'extraction d'ADN à partir de sang total par la technique « stratagène ». Celle-ci est requise pour des applications telles que la PCR, la digestion par les enzymes de restriction et pour l'analyse d'échantillons sanguins. Il existe beaucoup de kits d'extraction et de purification de l'ADN dans le commerce. Cependant il a été montré que la sensibilité de détection par la PCR de l'ADN extrait varie selon le kit utilisé. Choisir le kit peut permettre de gagner du temps sur l'optimisation du kit et l'exécution de la PCR. Le principe de cette technique repose sur l'usage des kits STRATAGENE permettant de réaliser ces extractions à l'aide de réactifs prêts à l'emploi. Cette technique est répandue grâce à sa facilité d'emploi et pour la qualité de ses résultats (Birnboim HC. & Doly J .1979). Cette technique a été mise en oeuvre au niveau du laboratoire de génétique moléculaire et cellulaire à l'université de l'U.S.T.O (Oran).

4.3.2. Protocole expérimental d'extraction d'ADN

Les étapes de base impliquées sont identiques à celles des végétaux ou des microbes. Cependant, les kits incluent des modifications à la méthode de base prenant en compte les caractéristiques particulières des cellules. La plupart des cellules animales ne présente pas de paroi cellulaire comme celles des végétaux et sont donc plus facilement lysées à l'aide de détergents uniquement. Les cellules animales doivent, cependant, être homogénéisées mécaniquement ou traitées par des enzymes avant la lyse. La lyse cellulaire est suivie par la séparation de l'ADN des autres composants cellulaires et sa purification. Beaucoup de kits n'utilisent pas la méthode conventionnelle d'extraction organique au phénol/chloroforme et de précipitation à l'éthanol ce qui minimise les dommages induits par les solvants sur l'ADN (Figure 22).

L'extraction a été réalisée à partir de sang total. Les échantillons sont traités à chaque étape depuis la lyse jusqu'à l'extraction et la récupération de la méduse (détails en annexe 2).



Figure 22 : Manipulation et extraction d'ADN

4.3.3. Dosage d'ADN

La concentration d'ADN est estimée par la méthode de spectrophotométrie basée sur la capacité de l'ADN à absorber des rayonnements UV à l'aide d'un spectrophotomètre Nanodrop Lite (**Thermo Scientific Nano Drop TM8000**) et calculée par le logiciel Megellan intégré dans l'appareil de Nanodrop ce qui permet ainsi des mesures rapides, précises et reproductibles de la concentration et du degré de pureté de l'ADN.

4.3.3.1. Dosage de L'ADN à l'aide d'un NanoDrop (2000C thermoscientific)

Une estimation de la quantité d'ADN et une vérification de sa pureté ont été nécessaires ; pour cela, les échantillons d'ADN ont été mesurés à l'aide d'un spectrophotomètre Nanodrop (**2000C thermo scientific**) qui permet de réaliser des spectres d'absorbance pour micro-volume sans cuvette ni capillaire. Il permet également de réaliser des mesures sur une large gamme de longueurs d'onde pour l'analyse des spectres dans le visible et l'UV. Cette technique est très simple. Elle permet d'estimer la concentration de l'ADN en utilisant juste 2ul de l'ADN. Après avoir évalué la concentration de l'ADN total, et dans le but d'obtenir une concentration de 25ng/ul nécessaire pour la réalisation de la technique PCR, cette concentration est calculée par la formule suivante :

$$C1 V1 = C2 V2$$

Les résultats ont dévoilé une très bonne qualité d'ADN pure non contaminé et plus de 80% des échantillons mesurés étaient concentrés à ≤ 500 ng/ul. Avoir un ADN pur signifie que le rapport des densités optiques ($R = \frac{DO \text{ à } 260 \text{ nm}}{DO \text{ à } 280 \text{ nm}}$) doit être compris entre 1,5 et 2. Un rapport inférieur à 1,5 témoigne d'une contamination par les protéines. En revanche, s'il est supérieur à 2, on envisagera une contamination par des sels, des protéines et/ou des composés phénoliques.

4.3.4. Test de qualité des produits d'extraction (sizing)

L'électrophorèse en gel d'agarose est une méthode utilisée en biochimie, biologie et biologie moléculaire qui permet de séparer l'ADN, l'ARN ou les protéines en fonction de leur poids moléculaire. Elle est basée sur la séparation des acides nucléiques chargés négativement sous l'effet d'un champ électrique. Cette séparation s'effectue à travers la matrice du gel ; les molécules de petite taille se déplacent plus rapidement et migreront plus loin que les molécules de grande taille (Shambrook et al., 2001). Cette technique permet de vérifier la présence et l'intégrité des ADN. La résolution en gel d'agarose est satisfaisante pour mettre en évidence l'ADN génomique. Ce dernier est révélé par le bromure d'éthidium (BET) (Brody et al., 2004).

4.3.4.1. Préparation du gel

La solution d'agarose à 1% est préparée avec 1g d'agarose dans 100 ml de tampon TBE (tris, borate et EDTA) à 1% (Ogden and Adams, 1987); cette concentration détermine une maille régulière et adaptée à la taille des fragments. Pour faciliter la dissolution de ce dernier, un léger chauffage au four à micro-onde est recommandé. Il est nécessaire d'ajouter le bromure d'éthidium (BET), agent intercalant entre les bases dont la fluorescence augmente très sensiblement quand il

interagi avec l'ADN (Philip *et al.*, 1973). Une fois la solution prête, elle est coulée dans la cuve et laissée polymériser (Figure 23).

4.3.4.2. Préparation d'échantillon et migration

4 μ l d'ADN sont ajoutés à 3 μ l de bleu d'éthidium pour alourdir l'ADN de chaque échantillon. Ce produit est déposé dans les puits. L'électrophorèse est réalisée dans un tampon de migration TBE 1X à 120 volts pendant une durée de 15 à 20 mn.

4.3.4.3. Révélation

Après migration sous l'effet du champ électrique, la révélation d'ADN est obtenue par visualisation sur la plaque à ultra-violet (UV), ensuite une prise en photo est réalisée à partir d'un appareil photo relié avec la plaque (Figure 23).



Figure 23 : Dosage et évaluation de la qualité d'ADN (Sizing)

4.4. La polymérisation en chaîne (PCR)

4.4.1. Principe

La réaction de polymérase en chaîne (PCR) a été mise au point par Mullis (1990). Cette technique permet d'amplifier spécifiquement *in vitro un segment d'ADN* double brin compris entre deux régions de séquences connues et cela en des millions de copies. Cette amplification est assurée par la polymérase de la bactérie thermophile *Thermusaquaticus* (taq polymérase), un procédé d'extension de deux amorces oligonucleotidiques de synthèse de 20 à 25 nucléotides complémentaires des extrémités 3' des deux brins d'ADN. Ces amorces encadrent la séquence à amplifier, l'une avec le brin sens et l'autre avec le brin anti sens. La quantité de la séquence recherchée est ainsi multipliée de façon exponentielle puisque chaque brin nouvellement synthétisé par la polymérase peut servir de matrice pour le cycle d'amplification suivant.

La PCR multiplexe utilisée 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. 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.

Dans le cadre de ce travail, une liste de références de locus microsatellites publiée par la FAO-ISAG (2004) a été choisie afin de permettre la comparaison des données entre des analyses obtenues pour différentes populations animales et par plusieurs équipes de recherche dans le monde.

Les marqueurs utilisés dans cette étude sont regroupés en trois multiplex selon la taille et le marquage par fluorophore de sorte que ces derniers puissent être distingués lors du génotypage ; deux fluorophores ont été utilisés : 6-FAM (Bleu) et HeXTM (Vert). Les caractéristiques de ces marqueurs sont présentées dans le tableau 15.

Tableau 15 : Caractéristique des microsatellites étudiés (multiplex)

Multiplex 1	Taille	Couleur du fluorophore
CMS121	147-173	6-FAM
CVRL1D	279-325	HEX
CVRL4D	105-127	HEX
CVRL5D	105-130	6-FAM
CVRL6D	155-175	HEX
LCA66	226-246	HEX
LCA66	226-246	HEX
Multiplex 2	Taille	Couleur du fluorophore
CMS 50	145-190	6-FAM
CMS 9	225-250	6-FAM
CVRL7	272-314	6-FAM
CVRL8	191-209	6-FAM
YWLL44	88-125	6-FAM
YWLL59	103-111	HEX
VOLP10	236-268	HEX
Multiplex 3	Taille	Couleur du fluorophore
CMS13	236-260	6-FAM
CMS 15	116-144	6-FAM
CMS17	149-170	HEX
CMS18	157-170	6-FAM
CMS25	90-110	HEX
CMS32	198-209	HEX
VOLP32	256-290	HEX

Les 87 échantillons d'ADN ont été amplifiés dans différentes conditions de la PCR et selon le multiplex utilisé. La PCR a été réalisée à l'aide d'un Master Mix QIAGEN contenant les dNTPs, la

Taq polymérase et le tampon de dilution. Les concentrations des différents composants sont optimisées par le fabricant afin de donner de bons résultats.

Condition d'amplification de multiplex 1 et 2 :

Mix -12,5 ul Master mix

-2.5 ul Primer mix

-7.5 ul H₂O

-2.5 ul ADN à (20 ng/ul)

Programmation thermocycleur :

	T/°C	Temps	
	95°C	15 Min	Activation de la Taq
25 Cycles	95 °C	30 Sec	Dénaturation
	60°C	90 Sec	Hybridation
	72°C	60 Sec	Elongation
	60°C	30 Min	Terminaison des fragments incomplets
	4°C	infini	Conservation

Condition d'amplification de multiplex 3 :

Mix -12,5 ul Master mix

-2.5 ul Primer mix

-7 ul H₂O

-3 ul ADN

Programmation du thermocycleur :

	T/°C	Temps	
	95°C	15 Min	Activation de la Taq
25 Cycles	95 °C	30 Sec	Dénaturation
	55°C	90 Sec	Hybridation
	72°C	60 Sec	Elongation
	60°C	30 Min	Terminaison des fragments incomplets
	4°C	infini	Conservation

4.5. Le Génotypage (Electrophorèse capillaire)

4.5.1.Principe du génotypage

L'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 (μm) 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 (Burgot G. et Burgot J. L., 2011).

4.5.2. Préparation des échantillons

Chaque échantillon correspond à 1.5 μl d'ADN amplifié, 12 μl de formamide (pour empêcher l'hybridation des ADN) et 0.5 μl de *Rox* (marqueur de taille de couleur rouge) 500 LIZ (Applied Biosystems). Ce mix est bien homogénéisé ; l'ADN est soumis à une dénaturation par thermocycleur à 95°C pendant 5mn.

Lors de la migration des produits PCR dans les capillaires du séquenceur, les fluorophores sont excités par un laser et l'émission de la fluorescence est interprétée par le programme Genemapper 3.7 (*Applied Biosystems*). Ce dernier permet de déterminer le génotype de chaque échantillon pour chacun des 20 microsatellites étudiés. Le standard de taille ROX 500 permet d'attribuer une taille aux différents pics d'intensité. Seuls les profils possédant une intensité supérieure à 300 *nm* ont été conservés pour le génotypage.

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 l'ordinateur couplé au séquenceur.

Pour mener à bien l'analyse des électrophérogrammes et identifier la taille des allèles, il est nécessaire de traiter ces fichiers avec d'autres programmes tels que GeneMapper ou Strand qui offrent une fonction de génotypage automatique des individus (par taille en pb des microsatellites) et permet ensuite de révéler les allèles pour chaque individu sous forme de tableaux.

4.5.3. Choix des marqueurs microsatellites utilisés

Dans le cadre de cette étude, un jeu de 20 marqueurs microsatellites a été sélectionné pour le génotypage des écotypes de la population cameline « Tergui ». L'ensemble de ces marqueurs fait partie de la liste recommandée par la FAO (2011) pour l'analyse de la diversité génétique des camélidés (Tableau 16). Les tests de génotypage de microsatellites ont été réalisés avec 3 groupes de multiplex formés de 6 marqueurs pour le MP1 et 7 marqueurs pour chacun de MP2 et MP3. Les conditions de thermocyclage consistent en une dénaturation initiale à 95° C pendant 30 secondes, suivie par 25 cycles de 30 sec à 95° C, 90 sec à 60° C, 90 sec à 55° C et de 60 secondes à 72° respectivement pour chacun des 3 multiplexes. Une étape d'allongement finale a été effectuée à 60° C pendant 30 minutes pour les 3 multiplexes. Les produits amplifiés par PCR ont été dénaturés avec du formamide et ensuite détectés par électrophorèse capillaire en utilisant un prisme 310 ADN analyseur génétique ABI (Applied Biosystems, USA). La taille standard interne GENESCAN-LIZ500 (Applied Biosystems) a été utilisée pour le dimensionnement des allèles. Au total 6 couples d'amorces ont été amplifiés par PCR puis génotypés par séquenceur *Applied biosystem*. Cette technique permet de distinguer les allèles en fonction de leur taille.

Tableau 16 : Caractéristiques des 20 amorces microsatelites

Locus	Primer Séquence	Size Range (bp)	Ta (°C)	GenBank Accession No	Multiplex group
CMS121	FOR: 5'-CAAGAGAAGCTGGTGAGGATTTTC-3' REV: AGTTGATAAAAATACAGCTGGAAAG	145-173	60	AF319159	1
CMS13	FOR: 5'-AGTTGATAAAAATACAGCTGGAAAG-3' REV: ATTATTTGGAATTCAACTGTAAGG	232-256	55	AF329158	3
CMS15	FOR: 5'-AAATACTTAAAGGTTCCAGAA-3' REV: TTGTAACTAAAGCCAGAAAG	117-147	55	AF329151	3
CMS17	FOR: 5'-ATAAAGGATCACTGCCTTC3' REV: AAAATGAACCTCCATAAAGTTAG	166-168	55	AF329147	3
CMS18	FOR: 5'-GAACGACCCTTGAAGACGAA-3' REV: AGCAGCTGGTTTTAGGTCCA	157-167	55	AF329148	3
CMS25	FOR: 5'-GATCCTCTGCGTTCTTATT-3' REV: CTAGCCTTTGATTGGAGCAT	89-101	55	AF380345	3
CMS32	FOR: 5'-ACGGACAAGAAGCTGCTATA-3' REV: ACAACCAATAAATCCCAT	181-209	55	AF329146	3
CMS50	FOR: 5'-TTTATAGTCAGAGAGAGTGCTG-3' REV: TGTAGGGTTCATTGTAACA	147-193	60	AF329149	2
CMS9	FOR: 5'-TGCTTTAGACGACTTTTACTTTAC-3' REV: ATTTCACTTTCTTCATACTTGTGAT	228-248	60	AF329160	2
CVRL1RD	FOR: 5'-GGGCAAGCTTGACTTGACTT-3' REV: TGCTTATCATGCACGAGGTC	284-332	60	AF217601	1
CVRL4RD	FOR: 5'-CTTTCTGAACCTCTGTTGTCTGC-3' REV: AAACCTGCAAGTTCTCAGTTTAAG	106-128	60	AF217604	1
CVRL5RD	FOR: 5'-TCTTCTGGTCCATATCTGTAGAC-3' REV: CACTGGTCCCTGCATTATGC	102-128	60	AF217605	1
CVRL6RD	FOR: 5'-AATTCTGACCAGGAGTCTGCTT-3' REV: AGTCCATGAGCAAGTGAATGAA	156-162	60	AF217606	1
CVRL7	FOR: 5'-AATACCCTAGTTGAAGCTCTGCCT-3' REV: GAGTGCCTTTATAAATATGGGTCTG	272-308	60	AF217607	2
CVRL8	FOR: 5'-AATTCTGTGATTTTATACACA-3' REV: CATGTCATGAAAGCTACAGTA	206-210	60	AF217608	2
LCA66	FOR: 5'-GTGCAGCGTCCAAATAGTCA-3' REV: CCAGCATCGTCCAGTATTCA	224-246	60	AF091125	1
VOLP10	FOR: 5'-CTTTCTCCTTCTCCCTACT-3' REV: CGTCCACTTCTTCATTTT	237-269	60	AF305231	2
VOLP32	FOR: 5'-GTGATCGGAATGGCTTGAAA-3' REV: CAGCGAGCACCTGAAAGAA	260-264	55	AF305234	3
YWLL44	FOR: 5'-CTCAACAATGCTAGACCTTGG-3' REV: GAGAACACAGGCTGGTGAATA	86-114	60	-	2
YWLL59	FOR: 5'-TGTGCAGGAGTTAGGTGTA-3' REV: CCATGTCTCTGAAGCTCTGGA	104-108	60	-	2

Montré pour chaque paire d'amorces sont l'avant (DE) et inverse (REV) séquence d'amorce, la gamme de taille de fragment attendu (pb), la température de recuit (Ta), le numéro d'accension GenBank, et le groupe multiplex.

5.5.4- Génotypage des microsatellites

Lors de la migration des produits PCR dans les capillaires du séquenceur, les fluorophores sont excités par un laser et l'émission de la fluorescence est interprétée par le programme Genemapper 3.7 NT (*Applied Biosystems*). Ce dernier permet de déterminer le génotype de chaque échantillon pour chacun des 20 microsatellites étudiés. Le standard de taille ROX 500 permet d'attribuer une taille aux différents pics d'intensité. Seuls les profils possédant une intensité supérieure à 300 nm ont été conservés pour le génotypage.

5. Méthodes d'analyses statistiques

La diversité génétique au sein de la population cameline «Tergui» a été analysée entre et au sein des phénotypes qui composent cette population. Ces deux niveaux d'analyse complémentaires ont mobilisé des outils différents. Généralement, l'analyse des données issues d'étude de polymorphisme de marqueurs de types microsatellites nécessite une approche statistique particulière et complémentaire. Avant de décrire les paramètres de variabilité, il apparaît utile de rappeler le principe de l'Equilibre de Hardy Weinberg utilisé comme référence afin de bien comprendre les forces agissant sur les structures génétiques des populations.

5.1. Logiciels utilisés

L'étude de la biodiversité génétique nécessite des outils et des approches statistiques particulières réalisées par des technologies d'analyse des données à haut débit, une vitesse et une mémoire d'ordinateur élevées. Le développement de la bioinformatique et les progrès technologiques de nombreux outils statistiques en génétique des populations permet de traiter plus rapidement une série de données sur plusieurs marqueurs moléculaires ainsi que la production massive de différentes caractéristiques de la population donnée. La gamme de logiciels utilisés est consignée dans le tableau 17.

5.2. Principes des analyses faites en génétique des populations

Dans le cadre de cette étude, la caractérisation génétique des cinq phénotypes camelins a été établie. Une première analyse nous a renseignée sur la déviation des populations étudiées par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg (EHW) ainsi que sur le déséquilibre de liaison entre marqueurs. Par la suite, la variabilité génétique a été analysée à deux niveaux: la variabilité intra-population et la variabilité inter-populations. Ces deux niveaux complémentaires nécessitent des outils statistiques différents ; l'étude de la variabilité intra-population précédant toujours celle de la variabilité inter-populations.

5.2.1. Équilibre de Hardy Weinberg

L'équilibre de Hardy-Weinberg est un des principes fondamentaux de la génétique des populations. Il est considéré comme un bon descripteur de la structure génétique des populations naturelles. Ainsi, dans un cas idéal où il y a panmixie pour une population de taille infinie et qui

n'est soumise à aucune pression évolutive (dérive, migration, sélection, mutation), les fréquences des gènes et des génotypes ne varient pas d'une génération à l'autre.

Il s'agit d'un état d'équilibre pour la population. Dans notre étude, les tests de l'hypothèse d'équilibre de Hardy-Weinberg et de ses alternatives d'excès ou de déficit d'hétérozygotes ont été analysés avec le logiciel *GENPOP version 4.0* (Raymond et Rousset, 1995) pour chaque locus puis sur l'ensemble des locus dans chaque phénotype. Étant donné qu'un grand nombre de tests statistiques sont réalisés sur le même jeu de données, le risque qu'un résultat significatif soit le fait du hasard est amplifié. Il est donc nécessaire d'appliquer la correction de Bonferroni pour les tests multiples (Rice, 1989) en divisant le seuil de significativité de 5% par le nombre de tests réalisés (nombre de marqueurs).

Tableau 17 : Liste et caractéristiques des logiciels bioinformatiques utilisés dans les analyses statistiques de l'étude.

Logiciel	Site web	Caractéristiques
FSTAT	http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm	Programme complet sur les indices en génétique des populations pour évaluer la diversité et la divergence génétique.
GENETIX	http://www.univmontp2.fr/genetix/genetix/	Programme complet sur les indices en génétique des populations pour évaluer la diversité et la divergence génétique.
GENEPOP	http://ftp.cefe.cnrs.fr/PC/MSDOS/GENEPOP	Calcule la diversité et la divergence génétique. Test d'équilibre d'Hardy-Weinberg et les déséquilibres de liaison.
GENECLASS2	http://www.montpellier.inra.fr/URLB/index.htm	Détecte les migrants et assigne les individus à leur population d'origine.
MICRO-CHEKER	http://www.microchecker.hull.ac.uk/	Détecte les allèles nuls au sein de marqueurs microsatellites.
POPULATION	http://bioinformatics.org/~tryphon/populations/	Calculs de distances génétiques entre populations, construction d'arbres phylogénétiques (UPGMA / Neighbor Joining) à partir de matrices de distances.
STRUCTURE	http://pritch.bsd.uchicago.edu/software/structure2_1.html	Identifie des groupes et assigne les individus aux groupes les plus probables.
Logiciel R (package APE)	http://www.R-project.org	Construction des arbres individuels basés à la distance des allèles partagés

5.2.2. Déséquilibre de liaison

Le déséquilibre de liaison (Ld) dans une population ou déséquilibre de phase gamétique (linkage desequilibrium) se définit comme l'association non aléatoire d'allèles à des locus différents. C'est un outil central pour les généticiens car il renseigne sur l'histoire des populations. De nombreux mécanismes peuvent être à l'origine du déséquilibre de liaison ; les plus importants étant les mélanges de populations, la dérive génétique et l'effet fondateur, la sélection naturelle.

Le déséquilibre de liaison est testé sur la base des tableaux de contingence pour chaque paire de locus dans chaque population. L'indépendance statistique des locus a été testée au moyen d'un test exact de Fisher proposé par le logiciel *GENPOP version 4.0* (Raymond et Rousset, 1995). Une correction de Bonferroni a été appliquée aux tests appariés afin de prendre en compte le biais lié aux comparaisons multiples (Rice, 1989).

5.3. Analyse de la diversité intra-population

Dans un premier temps, l'étude a porté sur la mesure de la variabilité génétique au sein des populations étudiées. Elle a été estimée grâce aux paramètres suivants: le taux de polymorphisme (P), les fréquences alléliques, le taux d'hétérozygotie, le nombre total d'allèles et la richesse allélique (A_R) et l'indice de fixation (FIS).

5.3.1. Taux de polymorphisme des marqueurs microsatellites

Une autre manière d'évaluer la variabilité génétique d'une population est de prendre en compte le nombre d'allèles existant pour les marqueurs analysés. Un grand nombre d'allèles implique une grande diversité. On considère un marqueur comme très polymorphe lorsqu'il a au moins deux allèles et la fréquence de l'allèle le plus fréquent est supérieure ou égale à 0,95 (Toro et Caballero, 2004).

5.3.2. 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. Ainsi la fréquence d'un allèle dans un échantillon est égale à deux fois le nombre de génotypes homozygotes pour cet allèle (chaque homozygote porte deux copies de l'allèle); plus le nombre de génotypes hétérozygotes comportant cet allèle (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). Les formules suivantes servent à calculer la fréquence P_i , de l'allèle i au locus k dans la population x :

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

N_{ii} est le nombre d'individus homozygotes pour l'allèle i au locus k ,

n_i 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 :

$$\sum_{i=1}^{l_k} P_{ik} = 1 \quad i_k: \text{est le nombre d'allèles au locus } k$$

Les fréquences alléliques ont été calculées pour chaque microsatellite et sur l'ensemble des cinq phénotypes grâce au logiciel *GENETIX version 4.04* (Belkhir *et al.*, 2002).

5.3.3. Taux d'hétérozygotie

L'évaluation de la variabilité génétique au sein d'une population s'effectue généralement en référence à la proportion d'hétérozygotes au niveau d'un ou de plusieurs locus. La manière la plus simple est de compter le nombre d'individus effectivement hétérozygotes, ce qui permet de calculer le taux d'hétérozygotie observée (H_o). Cependant, cette proportion dépend aussi de la manière dont les couples de reproducteurs sont constitués. Ainsi, le paramètre généralement employé pour apprécier la variabilité intra population est le taux d'hétérozygotie attendue (H_e) mis au point par Nei (1987) selon l'hypothèse de panmixie et compte tenu des fréquences alléliques observées. Dans une population de très grande taille, pour un locus ayant n allèles, l'allèle i ayant une fréquence P_i , le taux d'hétérozygotie attendue H_e se calcule comme suit :

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2$$

Toutefois, lorsque l'on travaille sur un nombre limité d'individus, la formule ci-dessus conduit à une sous-estimation du taux d'hétérozygotie attendue. Nei (1978) a développé une formule conduisant à une estimation non biaisée dans ce cas. Soit N le nombre d'individus génotypés, alors le taux d'hétérozygotie non biaisé H_{nb} s'exprime selon la formule suivante:

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

Dans notre analyse, étant donné le faible nombre d'animaux échantillonnés par phénotype, il est préférable de considérer l'hétérozygotie attendue non biaisée. Le taux d'hétérozygotie observé et non biaisé a été calculé à l'aide du logiciel *GENETIX version 4.04* (Belkhir *et al.*, 2002).

5.3.4. Nombre total d'allèles et richesse allélique

Le nombre total d'allèles ne fournit, toutefois, qu'une image «optimiste» de la variabilité génétique car ce paramètre ne tient pas compte des fréquences alléliques ; il donne donc le même poids à un allèle rare qu'à un allèle très répandu dans la population. De ce fait, le concept de la richesse allélique a été introduit (Crow et Kimura, 1970).

La richesse allélique d'une race, définie comme le nombre d'allèles présents à un locus donné, est connue pour dépendre de la taille de l'échantillon puisque les chances de découvrir un nouvel allèle augmentent chaque fois qu'un nouvel individu est observé. Pour comparer la richesse allélique de deux races, il est donc nécessaire de corriger le nombre d'allèles observé en fonction de

la taille de l'échantillon. Soit un locus à n allèles, l'allèle i ayant la fréquence P_i , La richesse allélique (A_R) se calcule selon la formule suivante:

$$A_R = \frac{1}{\sum_{i=1}^n P_i^2}$$

Pour prendre en compte les différences de tailles des échantillons qui peuvent biaiser les estimations, des méthodes ont été développées pour ramener toutes les populations à une taille d'échantillon comparable, soit par raréfaction (El Mousadik et Petit, 1996), soit par extrapolation (Foulley et Ollivier, 2006). Dans notre étude, la richesse allélique a été déterminée par raréfaction grâce au logiciel *FSTAT version 2.9.3* (Goudet, 2001).

5.3.5. Indice de fixation

A l'échelle d'une population et à partir de données moléculaires, la consanguinité peut être évaluée à partir du coefficient de consanguinité intra population de Wright appelé aussi l'indice de fixation selon la formule suivante:

$$F = 1 - \frac{H_O}{H_E}$$

Cet indice correspondrait à la perte actuelle d'hétérozygotie due à la consanguinité. Le *FIS* peut aussi être utilisé pour mettre en évidence un déséquilibre de Hardy-Weinberg ; des valeurs positives et négatives de *FIS* indiquant respectivement des déficits et des excès d'hétérozygote. Cet indice a été calculé au moyen du programme *GENETIX software version 4.04* (Belkhir *et al.*, 2002).

5.4. Analyse de la diversité inter-populations

L'un des principaux avantages de l'outil moléculaire est de pouvoir effectuer des comparaisons entre populations ce qui permet notamment d'évaluer l'originalité génétique des races ainsi que les éventuels liens qui existent entre elles. La structure génétique des populations a été analysée à différents niveaux afin de mettre en évidence la variabilité de la façon la plus optimale. Ainsi, dans la présente étude, nous nous sommes intéressés à faire un état des lieux de ces différentes méthodes.

5.4.1. Étude des liens génétiques inter populations

Analyser le polymorphisme génétique entre différentes populations ou phénotypes nécessite différentes approches employées indépendamment les unes des autres et complémentaires afin d'estimer la variabilité génétique entre les populations et les phénotypes.

5.4.2. Paramètres de différenciation des populations

L'un des moyens les plus simples pour analyser la diversité génétique entre populations consiste à étudier les *F*-statistiques (*F_{IS}*, *F_{ST}* et *F_{IT}*) développées par Wright (1968). Soit *T* (population totale) formée de *S* sous-populations dont chacune est composée de *I* individus. Les paramètres de différenciation ont été étudiés à trois niveaux et traduisent les situations suivantes :

F_{IS} (*I* pour individus et *S* pour sous-populations) estime l'écart à la panmixie dans une sous-population. Il mesure l'excès ou le déficit d'hétérozygotie à l'intérieur de chaque population. Ses valeurs varient de -1 (excès en hétérozygotes) à +1 (déficit en hétérozygotes).

F_{ST} (*S* pour sous-populations et *T* pour population totale) mesure la différenciation génétique entre deux sous-populations. Il exprime le déficit en hétérozygotes issu de la structuration en sous-populations et exprime ainsi les différences de fréquences alléliques entre les sous-populations. Sa valeur est toujours positive et comprise entre 0 (pas de structuration) et 1 (structuration bien différenciée des sous-populations).

F_{IT} (*I* pour individus et *T* pour population totale) mesure l'écart à la panmixie à l'échelle globale de la population. Comme pour le *F_{IS}*, les valeurs du *F_{IT}* varient de -1 (excès en hétérozygotes) à +1 (déficit en hétérozygotes).

Ces trois indices de fixation sont unis par une relation mathématique selon la formule suivante:

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

Les estimateurs des *F*-statistiques ont été déterminés selon la méthode de Weir et Cockerham (1984) et calculés avec le logiciel *FSTAT version 2.9.3* (Goudet, 2001).

5.4.3. Flux génétique entre populations

Il est possible de quantifier le flux de gènes entre populations par le calcul du nombre de migrants par génération (N_m) qui peut être mesuré selon Slatkin et Barton (1989) selon la formule suivante:

$$N_m = \frac{(1 - G_{ST})}{4G_{ST} \left(\frac{n}{n-1} \right)^2}$$

Où :

n: indique le nombre de populations.

G_{ST} : le coefficient de différenciation génétique (Nei, 1987).

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).

5.4.4. Utilisation des distances et établissement des structures génétiques

Le calcul des matrices de distances génétiques entre populations et l'établissement à partir de ces dernières de phénogramme constituent les méthodes les plus classiques pour l'étude de liens génétiques entre populations.

La distance standard de Nei (1972) D_s : Elle est basée sur les distances arithmétiques entre fréquences alléliques et constitue la distance la plus classiquement utilisée. Soit x_{ij} (respectivement y_{ij}) la fréquence de l'allèle i du j ème locus au sein de la population x (respectivement y), et r le nombre de locus étudiés, D_s est calculée selon la formule suivante :

$$D_S = -\ln \left(\frac{\sum_j \sum_i x_{ij} y_{ij} / r}{\sum_j \sum_i x_{ij}^2 / r \sum_j \sum_i y_{ij}^2 / r} \right)$$

L'indice de fixation F_{ST} (Wright, 1968) évoqué précédemment, a aussi pu être utilisé comme une distance génétique. Il est calculé à partir de la formule suivante :

$$F_{ST} = \frac{\left(\sum_j \sum_i x_{ij}^2 / r + \sum_j \sum_i y_{ij}^2 / r \right) / 2 - \sum_j \sum_i x_{ij} y_{ij} / r}{1 - \sum_j \sum_i x_{ij} y_{ij} / r}$$

La distance de Reynolds : Reynolds et al. (1983) ont développé à partir de l'indice de fixation F_{ST} , une distance appropriée à des temps de divergence courts en utilisant la formule suivante :

$$D_L = -\ln(1 - F_{ST})$$

A partir des matrices des distances calculées, les arbres ont été établis en utilisant en général deux méthodes :

La méthode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages*) (Sokal et Michener, 1958): Cette méthode suppose que les vitesses d'évolution sont identiques entre les différentes branches de l'arbre (hypothèse de l'horloge moléculaire) et donc que la distance mesurée sur l'arbre entre deux populations est proportionnelle au temps de divergence entre ces deux populations.

La méthode NJ (*Neighbor-Joining*) (Saitou et Nei, 1987) : Elle consiste à minimiser la longueur totale de l'arbre. Cette méthode n'impose aucune contrainte dans les vitesses d'évolution entre les lignées (pas d'horloge moléculaire) et permet l'élaboration d'arbres non racinés ou réseaux. En effectuant des tirages au sein des allèles et en calculant la fréquence de chaque regroupement à partir des arbres ainsi constitués (*bootstraps*), il est possible de tester la stabilité des embranchements obtenus au sein d'un arbre.

La comparaison entre les différentes méthodes a permis de démontrer que l'hypothèse de l'horloge moléculaire était rarement respectée pour des populations ayant divergées récemment, et donc soumises à la dérive génétique plus qu'aux mutations. Dans ces conditions, l'UPGMA pouvait générer des arbres incorrects (Bennett *et al.*, 1997). En ce qui concerne les distances, les études de comparaisons ont tendance à favoriser la distance de Reynolds qui sera la plus appropriée puisqu'elle est basée sur la dérive génétique qui est considérée comme le processus évolutif le plus probablement responsable de l'évolution de ces populations à cause du temps réduit de leur divergence (Takezaki et Nei, 1996).

Dans la présente étude, les relations phylogénétiques entre tous les écotypes ont été évaluées par l'établissement d'arbre phylogénétique de type «*Neighbor-Joining*» basée sur la distance de Reynolds à l'aide du programme *POPULATION version 1.2.30* (Langella, 2002).

5.4.5. Analyses factorielles des correspondances

Une analyse factorielle des correspondances (AFC) selon les recommandations de She *et al.*, (1987) a été réalisée afin de représenter graphiquement les relations génétiques entre individus. L'espace formé par les axes les plus informatifs permet d'apprécier la structure génétique des populations. D'une manière générale, un code couleur permet de visualiser l'appartenance de chaque individu à sa population d'origine.

Une analyse factorielle des correspondances (AFC) a été aussi effectuée à l'aide du logiciel *GENETIX version 4.04* (Belkhir *et al.*, 2002).

5.4.6. 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 version 2.3.3* (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. Son principe est de fixer *K* entre 2 et 9 suivie 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 $L''(K)$ selon Evanno *et al.*, (2005) à l'aide de l'application en ligne de *Structure Harvester version.0.6.1* (Earl and Vonholdt, 2011).

5.4.7. 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 inter-populations puisqu'elle permet à partir d'un échantillon d'ADN, d'identifier la race d'un individu de manière fiable à cent pour cent. 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 *et al.*, 2008).

5.4.8. Test d'affectation individuel

La probabilité d'affectation d'un individu à une race a été calculée selon l'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, 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 *GENECLASS 2* (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.

5.4.9. Arbre individuel

En évaluant les distances entre individus plutôt qu'entre populations, il est possible de voir comment les individus sont regroupés et si certains membres présumés d'une population sont placés en dehors de cette dernière. Dans ces cas-là, des arbres individuels de type «*Neighbor-Joining*» ont été construits. Ils sont basés sur le «*model free shared allele distances*» (distance des allèles partagées, *DAS*). Cette distance est recommandée pour des populations fortement apparentées ainsi que pour l'analyse des microsatellites de l'ADN nucléaire d'une manière générale (Takezaki et Nei, 1996).

Le package **APE** de logiciel **R** (R Development Core Team, 2011) a été utilisé pour la réalisation de cet arbre.

CHAPITRE II : RESULTATS ET DISCUSSION

1. Résultats de l'analyse morphométrique

1.1. Analyse uni-variée

1.1.1. Statistiques descriptives des caractères quantitatifs

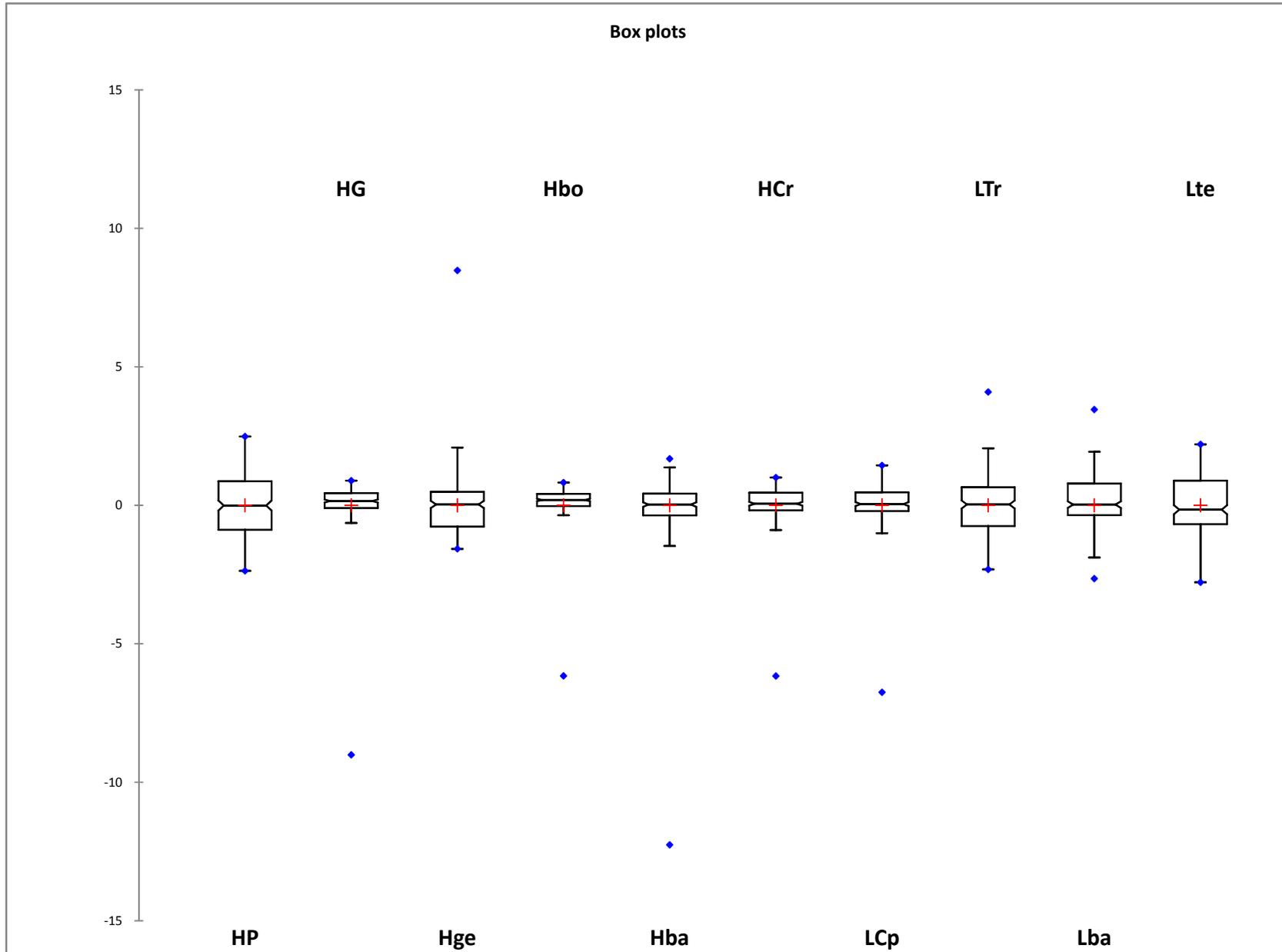
Les paramètres statistiques (moyenne, valeur maximale, valeur minimale, écart-type et coefficient de variation) de chaque variable sont présentés dans le tableau 18. Une grande variabilité inter et intra variables est constatée dans un intervalle de confiance de 95 %. Le premier indicateur de cette variabilité est l'étendue qui est important ; la valeur maximale concerne Distance entre les trayons (DT), Quantité du lait (QL/j) et le Poids des animaux (Pds) qui accusent une différence respectivement de 43 cm, 92 cm et 413,86 Kg. Quant au coefficient de variation, il permet de comparer la dispersion des variables dont les unités sont différentes (Tableau 18 et Figure 24). Ce coefficient est inférieur à 13 % ($CV < 13\%$) pour les caractères Hauteur à la poitrine (HP), Hauteur au Garrot (HG), Hauteur au Genou (Hge), Longueur du Tronc (LTr), Longueur au Bassin (Lba), Longueur de la tête (Lte), Profondeur de poitrine (PP), Tour au coussinet (Tcou), Tour de bas de ventre (TVB), ce qui équivaut à une dispersion faible. Par contre, les variables Hauteur à la Bosse (Hbo), Hauteur au bassin (Hba), Hauteur à la croupe (HCr), Longueur du Corps (LCp), Longueur des oreilles (LO), Longueur de la queue (LQ), Longueur de Gigot (LGi), Tour à la bosse (Tbo), Tour à la poitrine (TP), Tour au sternum (TSt), Tour au canon (TCa), Longueur à la charge (LCh), le Poids (Pds), Longueur au tranchanter (LTra), Distance entre les trayons (DT), Distance diagonale entre les trayons (DDT) et Quantité du lait (QL/j) sont nettement supérieures à 13 %. Selon Acourene *et al.* (2001), plus ce coefficient est faible, meilleure est la précision de l'essai et moins il y a d'erreurs dans les résultats. Ce coefficient dépasse 30 %, allant jusqu'à 108 % mais il reste tout de même dans les limites acceptables sachant que les moyennes sont influencées par les valeurs extrêmes, cas de la distance diagonale entre les trayons (DT) (Min = 2 cm et Max = 45,00 cm).

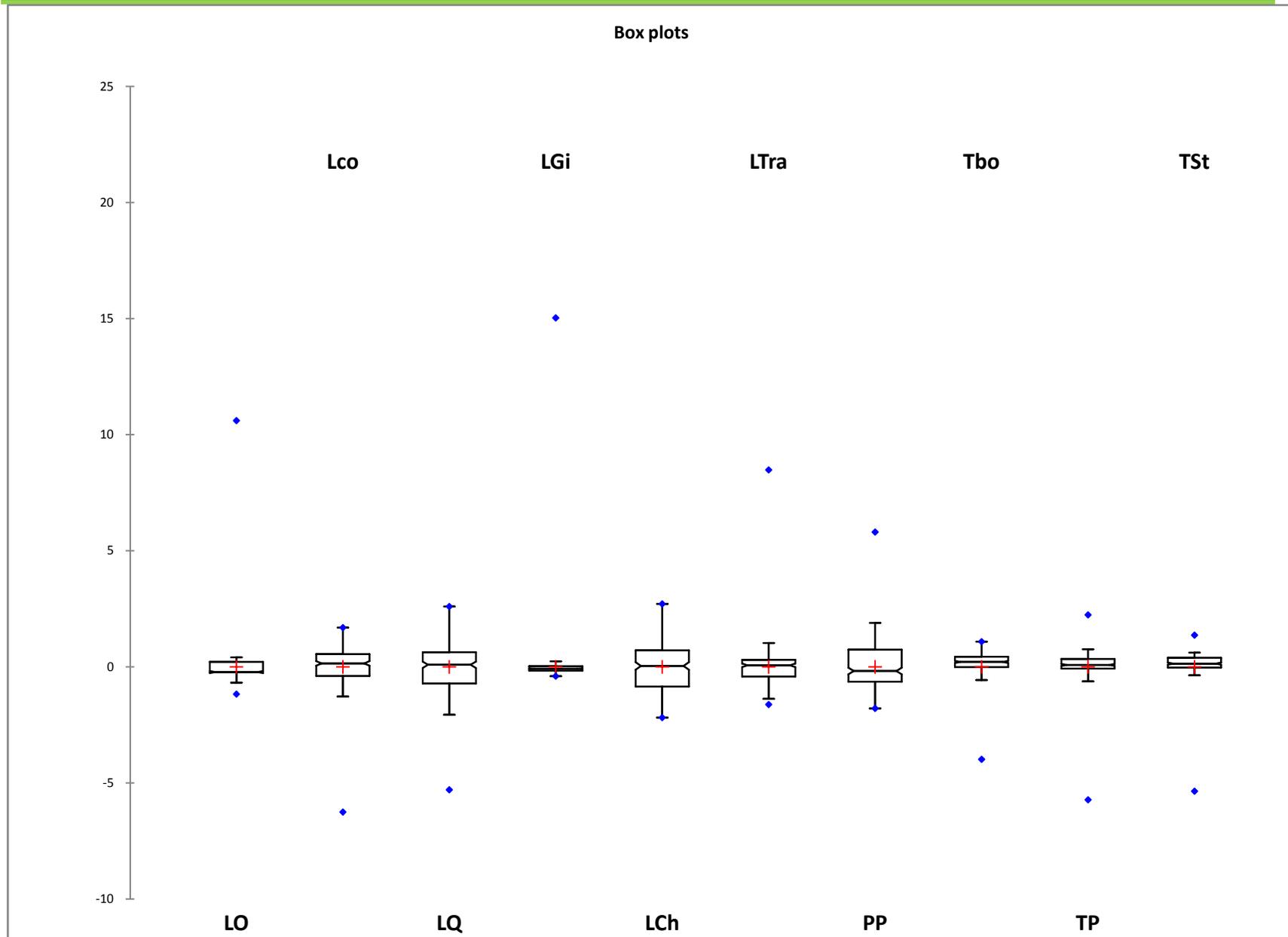
Dans l'ensemble, la dispersion des données est relativement moyenne par rapport à la moyenne avec des écarts types ne dépassant pas 13 % ce qui témoigne de l'hétérogénéité de la population et de la fiabilité des résultats.

Tableau 18 : Statistiques descriptives des variables quantitatives de la population cameline «Tergui » dans la région du Hoggar

Variables	Actifs	Moyenne	Min	Max	Variance	Ecart-type	Coef. de variation (%)	Confiance	Confiance	Asymétrie	Aplatissement
HP	520	112,71	91,00	192,00	78,96	8,89	7,88	111,95	113,48	1,33	11,12
HG	520	183,36	18,00	225,00	261,03	16,16	8,81	181,97	184,75	-4,48	40,87
Hge	520	56,31	49,00	93,00	16,72	4,09	7,26	55,95	56,66	1,80	11,87
Hbo	520	193,08	2,00	245,00	692,69	26,32	13,63	190,81	195,35	-4,66	28,68
Hba	520	172,15	16,00	209,00	602,74	24,55	14,26	170,04	174,27	-5,30	30,94
HCr	520	150,06	15,00	186,00	406,53	20,16	13,44	148,32	151,80	-5,03	30,89
LCp	520	153,35	15,00	184,00	602,66	24,55	16,01	151,24	155,47	-4,31	21,74
LTr	520	90,58	66,00	115,00	57,40	7,58	8,36	89,92	91,23	0,34	0,59
Lba	520	39,57	30,00	65,00	13,64	3,69	9,33	39,25	39,89	2,18	14,01
Lte	520	58,63	46,00	70,00	17,94	4,24	7,23	58,26	58,99	-0,30	-0,18
LO	520	16,14	5,50	70,00	238,92	15,46	95,77	14,81	17,47	2,67	5,28
Lco	520	121,27	1,00	189,00	388,26	19,70	16,25	119,57	122,97	-3,55	18,24
LQ	520	58,05	30,00	76,00	78,35	8,85	15,25	57,28	58,81	-1,24	1,53
LGi	520	33,61	25,00	315,00	165,61	12,87	38,29	32,50	34,72	20,27	437,37
LCh	520	31,27	19,00	42,00	17,33	4,16	13,31	30,91	31,62	-0,32	0,26
LTra	520	19,91	12,00	55,00	11,46	3,39	17,00	19,62	20,21	4,11	42,63
PP	520	56,97	45,00	91,00	21,18	4,60	8,08	56,58	57,37	1,16	7,47
Tbo	520	223,17	2,20	274,00	2637,74	51,36	23,01	218,74	227,60	-3,12	9,57
TP	520	184,71	1,70	249,00	869,95	29,49	15,97	182,17	187,26	-4,26	22,42
TSt	520	197,04	1,90	242,00	1513,66	38,91	19,75	193,68	200,39	-3,93	15,86
TCa	520	24,17	17,00	56,00	11,38	3,37	13,96	23,88	24,46	3,47	28,93
Tcou	520	65,28	26,00	75,00	23,43	4,84	7,41	64,86	65,69	-1,18	7,29
TVB	520	180,60	113,00	219,00	247,69	15,74	8,71	179,25	181,96	-0,37	-0,10
DT	289	12,08	2,00	45,00	172,14	13,12	108,59	10,38	13,79	0,85	-0,98
DDT	289	16,73	3,00	75,00	251,24	15,85	94,76	14,67	18,79	1,72	1,80
QL/j	289	27,74	3,00	95,00	803,81	28,35	102,20	24,06	31,42	0,68	-1,32
Pds	520	281,26	129,33	543,19	7095,10	84,23	29,95	273,99	288,52	0,31	-0,86

Remarque : L'écart type et l'intervalle de confiance de la moyenne sont valides uniquement dans le cas de l'échantillonnage aléatoire simple.





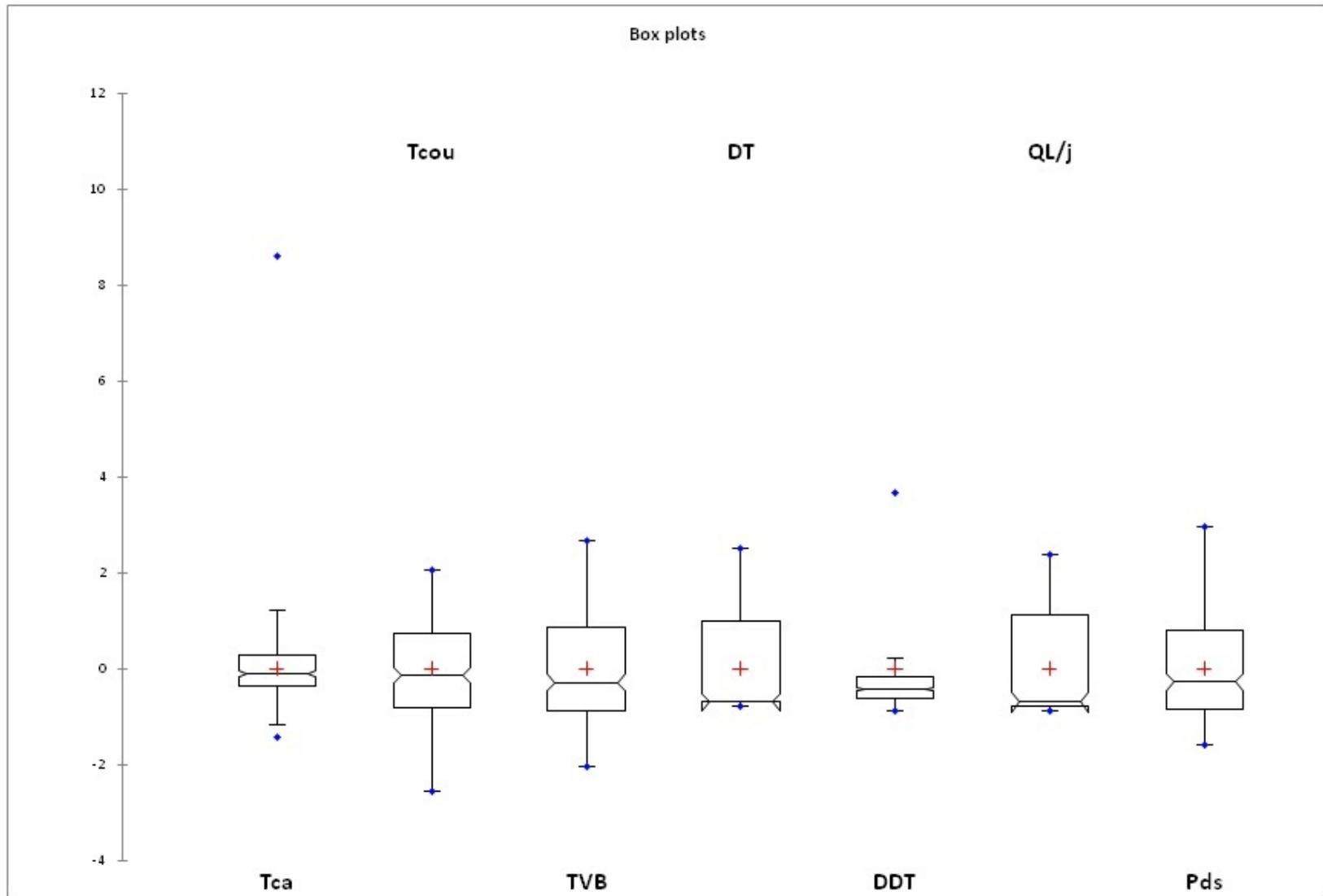


Figure 24 : Boite à moustaches (Box Plots) des variables quantitatives de la population cameline «Tergui » dans la région du Hoggar.

1.1.2. Les distributions des caractères quantitatifs

L'analyse uni-variée d'un caractère est effectuée sans tenir compte des autres caractères. La distribution des caractères quantitatifs a été étudiée pour les 3 cas rencontrés dans notre analyse : par **race**, par **phénotype** et par **localité**. La plupart des caractères d'intérêt en production animale peuvent prendre des valeurs qui recouvrent de façon continue un large intervalle de variation (variabilité) (Figure 25).

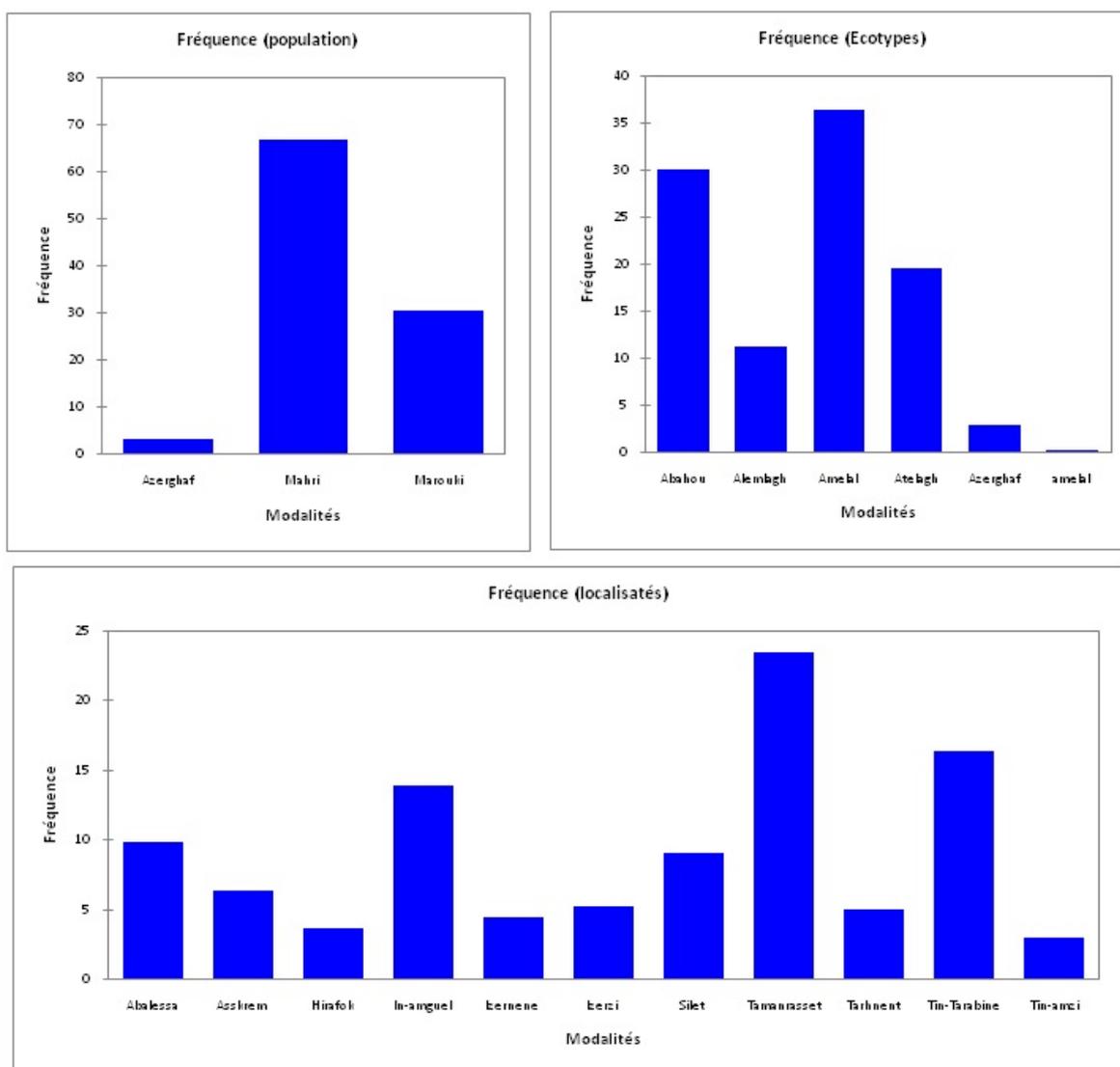


Figure 25 : Les fréquences des modalités des variables qualitatives

Après confirmation de la normalité des données et l'homogénéité des variances, les résultats des analyses effectuées se présentent comme suit :

1.1.2.1. Hauteur à la poitrine (HP)

Généralement, les populations de la race cameline «Tergui» échantillonnées sont assez hautes sur pattes (min > 91 cm). Les valeurs maximales caractérisent les localités de Tin-Tarabine d'Asskrem, de Hirafock et d'Izernene. En revanche, les animaux les moins hauts sont rencontrés dans les localités de Tin-Amzi et de Tarhnenet (Tableau 1 Annexe 3 et Figure 1 Annexe 4).

La valeur moyenne formulée par phénotype (race) est de $112,09 \pm 6,64$ cm. Elle est de $114,04 \pm 6,71$ cm chez les phénotypes Amellal et Abahou et de $113,77 \pm 4,90$ cm chez la race Azzerghaf (Tableau 2, Annexe 3).

Pour le cas «population», la valeur moyenne de la hauteur à la poitrine est de $110,55 \pm 6,64$ cm avec des valeurs supérieures chez les populations Mehri et Azzerghaf, soit respectivement $111,51 \pm 6,28$ cm et $111,41 \pm 4,90$ cm (Tableau 3 et Annexe 3).

L'analyse de la variance est hautement significative ce qui explique la variabilité très large entre les différents cas étudiés (races, phénotypes et localités) pour le paramètre Hauteur à la poitrine avec $P \leq 0,001$ (Tableau 19).

Tableau 19 : Analyse de la variance (Variable HP)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	18742,818	506,563	10,942	< 0,0001
Erreur	482	22314,45	46,296		
Total corrigé	519	41057,269			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 20 : Paramètres du modèle (Variable HP)

Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	106,949	5,2	20,569	< 0,0001	96,732	117,166
Azerghaf	0,012	2,044	0,006	0,995	-4,005	4,029
Mahri	13,954	6,956	2,006	0,045	0,286	27,622
Marouki	0	0				
Abahou	-10,107	6,904	-1,464	0,144	-23,673	3,46
Alemlagh	1,58	1,214	1,301	0,194	-0,805	3,965
Amelal	-9,894	6,906	-1,433	0,153	-23,464	3,677
Atelagh	0	0				
Azerghaf	0	0				
Abalessa	-0,183	2,187	-0,084	0,933	-4,481	4,115

Asskrem	7,521	2,272	3,311	0,001	3,057	11,984
Hirafok	3,525	2,453	1,437	0,151	-1,294	8,344
In-amguel	2,9	2,061	1,407	0,16	-1,149	6,95
Izerzene	4,324	7,416	0,583	0,56	-10,248	18,896
Izerzi	2,403	2,28	1,054	0,292	-2,077	6,883
Silet	0,051	2,25	0,023	0,982	-4,369	4,472
Tamanrasset	5,642	2,086	2,705	0,007	1,544	9,74
Tarhnent	3,263	2,298	1,42	0,156	-1,253	7,779
Tin-Tarabine	10,523	2,08	5,06	< 0,0001	6,436	14,609
Tin-amzi	0	0				

Equation du modele (Variable HP) :

HP = 106,94+1,19 * Azerghaf+13,95 * Mahri-10,10 * Abahou + 1,57* Alemlagh - 9,89 * Amelal - 0,18 * Abalessa + 7,52 * Asskrem + 3,52 * Hirafok + 2,90 * In-amguel + 6,10* Izerzene + 2,40 * Izerzi + 5,12 * Silet + 5,64 * Tamanrasset + 3,26 * Tarhnent + 10,52 * Tin-Tarabine - 5,31.

1.1.2.2. Hauteur au Garrot (HG)

La Hauteur au Garrot présente une variabilité assez remarquable chez les races qui constituent la population «Tergui». Elle est de 188 et 191 cm respectivement dans les localités de Tamanrasset et d'Abalessa (Figure 2, Annexe 4, Tableau 1, Annexe 3). Chez les phénotypes Azerghaf et Abahou, elle s'établit respectivement à 188 cm et 187 cm. Par contre, la valeur moyenne de celle-ci chez la race Amelal est de 184,43 cm (Tableau 2, Annexe 3). La valeur maximale est de l'ordre de 185 cm et de 188,67 cm respectivement chez le Mahri et l'Azerghaf (Tableau 3, Annexe 3).

L'analyse de la variance est hautement significative ce qui explique la variabilité très large dans les différents cas étudiés pour le paramètre Hauteur au Garrot avec $P \leq 0,001$ (Tableau 21).

Tableau 21 : Analyse de la variance (Variable HG)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	32509,305	878,630	4,103	< 0,0001
Erreur	482	103225,308	214,160		
Total corrigé	519	135734,613			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 22 : Paramètres du modèle (Variable HG)

Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	185,063	11,183	16,548	< 0,0001	163,089	207,036
Azerghaf	6,016	4,397	1,368	0,172	-2,624	14,656
Mahri	15,882	14,961	1,062	0,289	-13,515	45,280
Marouki	0,000	0,000				

Abahou	-7,179	14,850	-0,483	0,629	-36,358	21,999
Alemlagh	4,106	2,611	1,573	0,116	-1,023	9,236
Amelal	-9,195	14,854	-0,619	0,536	-38,382	19,992
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	8,093	4,705	1,720	0,086	-1,151	17,337
Asskrem	9,545	4,886	1,954	0,051	-0,055	19,145
Hirafok	-3,484	5,275	-0,660	0,509	-13,849	6,881
In-amguel	5,220	4,433	1,178	0,240	-3,489	13,930
Izerzene	9,797	15,951	0,614	0,539	-21,545	41,138
Izerzi	8,269	4,904	1,686	0,092	-1,366	17,905
Silet	6,928	4,839	1,432	0,153	-2,580	16,436
Tamanrasset	5,967	4,486	1,330	0,184	-2,848	14,782
Tarhnent	3,994	4,943	0,808	0,420	-5,719	13,707
Tin-Tarabine	-1,328	4,473	-0,297	0,767	-10,117	7,461
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable HG) :

$HG = 185,06 + 6,01 * Azerghaf + 15,88 * Mahri - 7,17 * Abahou + 4,10 * Alemlagh + 9,19 * Amelal + 8,09 * Abalessa + 9,54 * Asskrem - 3,48 * Hirafok + 5,22 * In-amguel + 2,48 * Izerzene + 8,26 * Izerzi + 6,92 * Silet + 5,96 * Tamanrasset + 3,99 * Tarhnent - 1,32 * Tin-Tarabine - 23,08$.

1.1.2.3. Hauteur au Genou (Hge)

Les animaux des localités de Tamanrasset, Asskrem, Silet et Silet ont une Hauteur au Genou moyennement assez grande (58 cm) par rapport à l'ensemble des échantillons, mais elle est élevée à Izerzi 59 cm (Figure 3, Annexe 4 et Tableau 1, Annexe 3).

Chez le phénotype Amellal et chez l'Azerghaf, elle est de 58 cm (Tableau 2, Annexe 3). Par contre, le phénotype Azerghaf détient la Hauteur au Genou la plus élevée (59 cm) (Tableau 3, Annexe 3).

L'analyse de la variance est hautement significative ce qui explique la variabilité très large entre les différents cas étudiés pour le paramètre Hauteur au Genou ($P \leq 0,001$). L'analyse de la variance est moyennement significative dans le cas des localités avec un $F = 4,66$ ($P \leq 0,01$) (Tableau 23).

Tableau 23 : Analyse de la variance (Variable Hge)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	2290,546	61,907	4,660	< 0,0001
Erreur	482	6403,655	13,286		
Total corrigé	519	8694,200			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 24 : Paramètres du modèle (Variable Hge)

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	55,271	2,785	19,843	< 0,0001	49,798	60,744
Azerghaf	2,131	1,095	1,946	0,052	-0,021	4,283
Mahri	0,931	3,726	0,250	0,803	-6,391	8,253
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-0,302	3,699	-0,082	0,935	-7,570	6,965
Alemlagh	-0,185	0,650	-0,285	0,776	-1,463	1,092
Amelal	-0,061	3,700	-0,017	0,987	-7,331	7,208
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	3,312	1,172	2,826	0,005	1,009	5,614
Asskrem	4,078	1,217	3,351	0,001	1,687	6,469
Hirafok	2,459	1,314	1,871	0,062	-0,123	5,040
In-amguel	3,259	1,104	2,952	0,003	1,090	5,429
Izerzene	7,926	3,973	1,995	0,047	0,120	15,732
Izerzi	3,954	1,221	3,237	0,001	1,554	6,354
Silet	3,857	1,205	3,201	0,001	1,489	6,225
Tamanrasset	1,828	1,117	1,636	0,102	-0,367	4,024
Tarhnent	2,891	1,231	2,348	0,019	0,472	5,310
Tin-Tarabine	-1,634	1,114	-1,467	0,143	-3,823	0,555
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable Hge) :

$Hge = 55,27 + 2,13 * Azerghaf + 0,93 * Mahri - 0,30 * Abahou - 0,18 * Alemlagh - 6,13 * Amelal + 3,31 * Abalessa + 4,07 * Asskrem + 2,45 * Hirafok + 3,25 * In-amguel + 2,77 * Izerzene + 3,95 * Izerzi + 3,85 * Silet + 1,82 * Tamanrasset + 2,89 * Tarhnent - 1,63 * Tin-Tarabine - 3,15.$

1.1.2.4. Hauteur à la Bosse (Hbo)

Dans la population échantillonnée, la moyenne de Hauteur à la Bosse dans la localité de Silet est plus grande (> 200 cm) que celle observée dans les localités d'Asskrem et de Tin-Amzi où elle est de l'ordre de 183 cm (Figure 4, Annexe 4). La valeur moyenne de phénotype Azerghaf est de l'ordre de 203 cm (Tableau 2, Annexe 3).

L'analyse de la variance est hautement significative ce qui explique la variabilité très large entre les différents cas étudiés pour le paramètre Hauteur à la Bosse avec $P \leq 0,001$ (Tableau 25).

Tableau 25 : Analyse de la variance (Variable Hbo)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	73509,280	1986,737	3,340	< 0,0001
Erreur	482	286690,372	594,793		
Total corrigé	519	360199,652			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 26 : Paramètres du modèle (Variable Hbo)

Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	205,032	18,637	11,001	< 0,0001	168,412	241,652
Azerghaf	6,670	7,328	0,910	0,363	-7,729	21,068
Mahri	8,531	24,933	0,342	0,732	-40,460	57,522
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-11,486	24,748	-0,464	0,643	-60,113	37,141
Alemlagh	4,809	4,351	1,105	0,270	-3,740	13,358
Amelal	-11,848	24,755	-0,479	0,632	-60,489	36,793
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	18,066	7,840	2,304	0,022	2,660	33,471
Asskrem	2,840	8,142	0,349	0,727	-13,159	18,838
Hirafok	7,896	8,791	0,898	0,370	-9,378	25,170
In-amguel	11,102	7,387	1,503	0,134	-3,413	25,617
Izerzene	7,995	26,582	0,301	0,764	-44,236	60,227
Izerzi	9,082	8,173	1,111	0,267	-6,976	25,141
Silet	21,673	8,064	2,688	0,007	5,828	37,518
Tamanrasset	14,651	7,476	1,960	0,051	-0,039	29,341
Tarhnent	10,491	8,238	1,273	0,203	-5,696	26,678
Tin-Tarabine	-4,820	7,455	-0,647	0,518	-19,468	9,827
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable Hbo) :

Hbo = 205,03 + 6,66 * Azerghaf + 8,53 * Mahri - 11,48 * Abahou + 4,80 * Alemlagh + 11,84 * Amelal + 18,06 * Abalessa + 2,83 * Asskrem + 7,89 * Hirafok + 11,10 * In-amguel + 10,70 * Izerzene + 9,08 * Izerzi + 21,67 * Silet + 14,65 * Tamanrasset + 10,49 * Tarhnent - 4,82 * Tin-Tarabine - 69,04.

1.1.2.5. Hauteur au bassin (Hba)

La Hauteur moyenne du bassin peut atteindre plus de 150,51 ± 8,82 cm. Les individus des localités d'Asskrem (182 cm) et de Silet (179 cm) se distinguent par une Hauteur au bassin élevée. En revanche, les individus des localités d'Izernene (174 cm) et de Tarhnent (174 cm) se distinguent par une Hauteur au bassin basse (Figure 5, Annexe 4 et Tableau 1, Annexe 3).

La Hauteur au bassin est de 179 cm chez la race Azerghaf et de 174 cm chez les phénotypes Amellal et Abahou (170 cm) (Tableau 2, Annexe 3).

L'analyse de la variance est hautement significative ce qui explique la variabilité très large entre les différents types pour le paramètre Hauteur au bassin sauf pour le cas localités où cette dernière est moyennement significative $P \leq 0,01$ (Tableau 27).

Tableau 27 : Analyse de la variance (Variable Hba)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	64196,287	1735,035	3,356	< 0,0001
Erreur	482	249226,286	517,067		
Total corrigé	519	313422,573			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 28 : Paramètres du modèle (Variable Hba)

Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	175,301	17,377	10,088	< 0,0001	141,158	209,445
Azerghaf	9,826	6,832	1,438	0,151	-3,599	23,251
Mahri	15,234	23,247	0,655	0,513	-30,444	60,912
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-11,657	23,074	-0,505	0,614	-56,996	33,681
Alemlagh	-0,369	4,056	-0,091	0,928	-8,339	7,602
Amelal	-10,986	23,081	-0,476	0,634	-56,338	34,366
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	8,686	7,310	1,188	0,235	-5,677	23,050
Asskrem	10,447	7,592	1,376	0,169	-4,470	25,363
Hirafok	7,889	8,197	0,962	0,336	-8,217	23,995
In-amguel	7,551	6,888	1,096	0,273	-5,982	21,084
Izerzene	5,255	24,785	0,212	0,832	-43,444	53,954
Izerzi	6,616	7,620	0,868	0,386	-8,356	21,588
Silet	9,049	7,519	1,204	0,229	-5,724	23,822
Tamanrasset	7,099	6,971	1,018	0,309	-6,598	20,795
Tarhnent	5,967	7,681	0,777	0,438	-9,126	21,059
Tin-Tarabine	-19,415	6,950	-2,793	0,005	-33,072	-5,758
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable Hba) :

$Hba = 175,30 + 9,82 * Azerghaf + 15,23 * Mahri - 11,65 * Abahou - 0,36 * Alemlagh - 10,98 * Amelal + 8,68 * Abalessa + 10,44 * Asskrem + 7,88 * Hirafok + 7,55 * In-amguel + 3,36 * Izerzene + 6,61 * Izerzi + 9,04 * Silet + 7,09 * Tamanrasset + 5,96 * Tarhnent - 19,41 * Tin-Tarabine - 15,61$.

1.1.2.6. Hauteur à la croupe (HCr)

La hauteur à la croupe présente une valeur moyenne élevée dans la localité d'Asskrem (157 cm), contrairement à la localité de Tin-Amzi (141 cm) (Figure 6, Annexe 4 et Tableau 1, Annexe 3). La race Azerghaf a une Hauteur à la croupe de 157 cm ; elle est de 153 cm chez la race Amellal (Tableau 2, Annexe 3).

L'analyse de la variance est hautement significative ce qui explique la variabilité très large entre les différents cas étudiés pour le paramètre Hauteur à la croupe ($P \leq 0,001$) (Tableau 29).

Tableau 29 : Analyse de la variance (Variable HCr)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	33918,216	916,709	2,490	< 0,0001
Erreur	482	177476,436	368,208		
Total corrigé	519	211394,652			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 30 : Paramètres du modèle (Variable HCr)

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	150,380	14,664	10,255	< 0,0001	121,568	179,193
Azerghaf	5,563	5,766	0,965	0,335	-5,766	16,892
Mahri	19,506	19,617	0,994	0,321	-19,041	58,052
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-17,131	19,472	-0,880	0,379	-55,390	21,129
Alemlagh	-2,140	3,423	-0,625	0,532	-8,866	4,586
Amelal	-13,990	19,477	-0,718	0,473	-52,261	24,281
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	6,045	6,169	0,980	0,328	-6,076	18,166
Asskrem	7,400	6,406	1,155	0,249	-5,188	19,987
Hirafok	-0,781	6,917	-0,113	0,910	-14,373	12,810
In-amguel	2,760	5,812	0,475	0,635	-8,660	14,181
Izerzene	2,809	20,915	0,134	0,893	-38,286	43,905
Izerzi	2,260	6,430	0,351	0,725	-10,375	14,894
Silet	0,504	6,345	0,079	0,937	-11,962	12,971
Tamanrasset	3,964	5,882	0,674	0,501	-7,594	15,522
Tarhnent	2,479	6,482	0,382	0,702	-10,257	15,215
Tin-Tarabine	-6,574	5,865	-1,121	0,263	-18,098	4,951
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable HCr) :

$HCr = 150,38 + 5,56 * Azerghaf + 19,50 * Mahri - 17,13 * Abahou - 2,14 * Alemlagh - 13,99 * Amelal + 6,04 * Abalessa + 7,39 * Asskrem - 0,78 * Hirafok + 2,76 * In-amguel + 0,18 * Izerzene + 2,25 * Izerzi + 0,50 * Silet + 3,96 * Tamanrasset + 2,47 * Tarhnent - 6,57 * Tin-Tarabine - 6,67.$

1.1.2.7. Longueur du Corps (LCp)

La Longueur moyenne du Corps est de $155,51 \pm 10,59$ cm (Figure 7, Annexe 4 et Tableau 1, Annexe 3). La valeur la plus élevée est enregistrée dans la localité d'Asskrem (162

cm). La valeur est élevée chez les phénotypes Amellal et Azerghaf (157 cm) qui représentent la population Mahri (Tableau 2, Annexe 3).

L'analyse de la variance est hautement significative ce qui explique la variabilité très large entre les différents cas étudiés pour le paramètre Longueur du Corps dans le cas populations ($P \leq 0,001$). Pour les cas races et localités, elle est moyennement significative ($P \leq 0,01$) Tableau 31).

Tableau 31 : Analyse de la variance (Variable LCp)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	42824,567	1157,421	2,062	0,000
Erreur	482	270559,929	561,328		
Total corrigé	519	313384,496			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 32 : Paramètres du modèle (Variable LCp)

Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	163,613	18,105	9,037	< 0,0001	128,039	199,188
Azerghaf	3,300	7,119	0,464	0,643	-10,688	17,287
Mahri	27,389	24,222	1,131	0,259	-20,204	74,982
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-28,574	24,041	-1,189	0,235	-75,813	18,665
Alemlagh	-9,972	4,226	-2,359	0,019	-18,277	-1,667
Amelal	-24,782	24,049	-1,030	0,303	-72,035	22,471
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	4,348	7,617	0,571	0,568	-10,618	19,314
Asskrem	2,634	7,910	0,333	0,739	-12,908	18,176
Hirafok	-0,072	8,540	-0,008	0,993	-16,853	16,709
In-amguel	2,618	7,176	0,365	0,715	-11,483	16,719
Izerzene	-9,082	25,824	-0,352	0,725	-59,822	41,659
Izerzi	1,174	7,939	0,148	0,882	-14,426	16,774
Silet	0,664	7,834	0,085	0,932	-14,728	16,057
Tamanrasset	4,548	7,263	0,626	0,531	-9,723	18,818
Tarhnent	-2,308	8,003	-0,288	0,773	-18,033	13,417
Tin-Tarabine	-12,675	7,242	-1,750	0,081	-26,904	1,555
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable LCp) :

$LCp = 163,61 + 3,29 * Azerghaf + 27,38 * Mahri - 28,57 * Abahou - 9,97 * Alemlagh - 24,78 * Amelal + 4,34 * Abalessa + 2,63 * Asskrem - 0,07 * Hirafok + 2,61 * In-amguel + 2,15 * Izerzene + 1,17 * Izerzi + 0,66 * Silet + 4,54 * Tamanrasset - 2,30 * Tarhnent - 12,67 * Tin-Tarabine - 20,25$.

1.1.2.8. Longueur du Tronc (LTr)

La valeur moyenne de la Longueur du Tronc est de 90, 59 ± 7,62 ; avec une valeur élevée dans la localité d'Asskrem (92 cm) et une valeur plus basse à Tarahnent (87 cm) (Figure 8, Annexe 4).

Les valeurs sont élevées chez les phénotypes Amellal et Azerghaf ; elles sont de 92 cm (Tableau 2, Annexe 3).

L'analyse de la variance est moyennement significative pour le cas populations. Elle est significative pour le cas races ($p < 0,05$) et non significative pour le cas localités (Tableau 33).

Tableau 33 : Analyse de la variance (Variable LTr)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	5233,321	141,441	2,770	< 0,0001
Erreur	482	24612,275	51,063		
Total corrigé	519	29845,596			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 34 : Paramètres du modèle (Variable LTr)

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	80,615	5,461	14,763	< 0,0001	69,885	91,345
Azerghaf	0,198	2,147	0,092	0,927	-4,021	4,416
Mahri	3,421	7,305	0,468	0,640	-10,933	17,776
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-1,106	7,251	-0,153	0,879	-15,354	13,142
Alemlagh	1,358	1,275	1,066	0,287	-1,146	3,863
Amelal	0,159	7,253	0,022	0,982	-14,093	14,411
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	0,707	2,297	0,308	0,758	-3,807	5,221
Asskrem	2,353	2,386	0,986	0,325	-2,335	7,040
Hirafok	2,769	2,576	1,075	0,283	-2,292	7,831
In-amguel	1,402	2,164	0,648	0,517	-2,851	5,655
Izerzene	4,276	7,789	0,549	0,583	-11,028	19,580
Izerzi	2,064	2,395	0,862	0,389	-2,641	6,769
Silet	0,708	2,363	0,300	0,765	-3,935	5,351
Tamanrasset	-0,213	2,191	-0,097	0,923	-4,517	4,091
Tarahnent	-0,055	2,414	-0,023	0,982	-4,797	4,688
Tin-Tarabine	1,495	2,184	0,685	0,494	-2,796	5,787
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable LTr) :

LTr = 80,61+0,19* Azerghaf+3,42* Mahri-1,10* Abahou+1,35* Alemlagh+0,15* Amelal+0,70* Abalessa+2,35* Asskrem+2,76* Hirafok+1,40* In-amguel+1,93* Izerzene+2,06* Izerzi+0,70* Silet-0,21* Tamanrasset-0,05* Tarhment+1,49* Tin-Tarabine-1,45.

1.1.2.9. Longueur au Bassin (Lba)

La Longueur au Bassin a une valeur moyenne de 39,22 ± 2,86 cm. Elle est de l'ordre de 40,14 ± 1,51cm dans les localités de Tamanrasset, Izerzene, Asskrem, Tarhment et Silet et de 37,11±3,44 cm dans la localité de Tin-Amzi (Figure 9, Annexe 4).

La valeur moyenne de cette variable dépasse 39 cm chez les phénotypes d'Abahou et Amellal et elle est de 38,73 cm chez la race Azerghaf (Tableau 2, Annexe 3).

L'analyse de la variance est hautement significative ($P \leq 0,001$) pour les deux cas formulés par « populations » et par « races » ce qui explique la variabilité très large entre les différents types étudiés pour le paramètre Longueur au Bassin. Par contre, elle est non significative ($P \geq 0,05$) pour le cas formulé par localités (Tableau 35).

Tableau 35 : Analyse de la variance (Variable Lba)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	991,768	26,805	2,117	0,000
Erreur	482	6103,599	12,663		
Total corrigé	519	7095,367			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 36 : Paramètres du modèle (Variable Lba)

Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	36,009	2,719	13,242	< 0,0001	30,666	41,352
Azerghaf	-0,080	1,069	-0,074	0,941	-2,180	2,021
Mahri	-1,031	3,638	-0,283	0,777	-8,179	6,117
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	0,840	3,611	0,233	0,816	-6,255	7,936
Alemlagh	0,178	0,635	0,280	0,780	-1,070	1,425
Amelal	0,705	3,612	0,195	0,845	-6,392	7,802
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	4,577	1,144	4,001	< 0,0001	2,329	6,825
Asskrem	3,694	1,188	3,109	0,002	1,359	6,028
Hirafok	2,973	1,283	2,318	0,021	0,453	5,494
In-amguel	4,299	1,078	3,988	< 0,0001	2,181	6,417
Izerzene	2,426	3,879	0,626	0,532	-5,195	10,047
Izerzi	1,971	1,192	1,653	0,099	-0,372	4,314

Silet	4,651	1,177	3,953	< 0,0001	2,339	6,963
Tamanrasset	3,009	1,091	2,759	0,006	0,866	5,153
Tarhnent	3,338	1,202	2,777	0,006	0,976	5,700
Tin-Tarabine	3,994	1,088	3,672	0,000	1,857	6,131
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable Lba) :

$Lba = 36,00 - 7,95^* \text{ Azerghaf} - 1,03^* \text{ Mahri} + 0,84^* \text{ Abahou} + 0,17^* \text{ Alemlagh} + 0,70^* \text{ Amelal} + 4,57^* \text{ Abalessa} + 3,69^* \text{ Asskrem} + 2,97^* \text{ Hirafok} + 4,29^* \text{ In-amguel} + 2,70^* \text{ zerzene} + 1,97^* \text{ Izerzi} + 4,65^* \text{ Silet} + 3,00^* \text{ Tamanrasset} + 3,33^* \text{ Tarhnent} + 3,99^* \text{ Tin-Tarabine} - 3,07.$

1.1.2.10. Longueur de la tête (Lte)

La valeur moyenne de la longueur de la tête est de $58,49 \pm 4,39$ cm (Figure 10, Annexe 4). La plus grande valeur ($60,09 \pm 2,66$ cm) se trouve dans la localité d'Asskrem et Izerzi.

La valeur moyenne est de 59 cm et 60 cm respectivement chez les phénotypes d'Abahou et Azerghaf ; elle est de 58 cm chez le phénotype Amellal (Tableau 2, Annexe 3).

L'analyse de la variance est hautement significative pour le cas populations ($P \leq 0,001$). Elle est significative pour les cas races et localités ($P \leq 0,05$) ce qui explique la variabilité très large entre les différents cas étudiés pour le paramètre Longueur de la tête (Tableau 37).

Tableau 37 : Analyse de la variance (Variable Lte)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	3529,374	95,388	7,927	< 0,0001
Erreur	482	5800,001	12,033		
Total corrigé	519	9329,375			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 38 : Paramètres du modèle (Variable Lte)

Tableau Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	53,285	2,651	20,101	< 0,0001	48,076	58,493
Azerghaf	1,264	1,042	1,213	0,226	-0,784	3,312
Mahri	-0,848	3,546	-0,239	0,811	-7,816	6,121
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	2,016	3,520	0,573	0,567	-4,901	8,932
Alemlagh	1,586	0,619	2,563	0,011	0,370	2,802
Amelal	1,684	3,521	0,478	0,633	-5,234	8,603
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	2,107	1,115	1,889	0,059	-0,084	4,298
Asskrem	5,594	1,158	4,830	< 0,0001	3,319	7,870
Hirafok	4,084	1,250	3,266	0,001	1,627	6,541
In-amguel	3,749	1,051	3,568	0,000	1,685	5,814
Izerzene	-4,672	3,781	-1,236	0,217	-12,101	2,757
Izerzi	4,719	1,162	4,059	< 0,0001	2,435	7,003
Silet	3,398	1,147	2,963	0,003	1,145	5,652

Tamanrasset	3,845	1,063	3,615	0,000	1,755	5,934
Tarhnent	1,743	1,172	1,487	0,138	-0,560	4,045
Tin-Tarabine	5,159	1,060	4,866	< 0,0001	3,076	7,243
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable Lte) :

Lte = 53,28+1,26* Azerghaf-0,84* Mahri+2,01*Abahou+1,58* Alemlagh+1,68*Amelal+2,10 *Abalessa +5,59* Asskrem+4,08* Hirafok+3,74* In-amguel+2,97* Izerzene+4,71* Izerzi+3,39* Silet+3,84 *Tamanrasset+1,74* Tarhnent+5,15* Tin-Tarabine-7,30.

1.1.2.11. Longueur des oreilles (LO)

En général, la Longueur des oreilles est de 11 cm (Figure 11, Annexe 4). Elle est de 12 cm dans la localité d'Izernene et Hirafok. Cette valeur (11 cm) caractérise les différentes (phénotypes) races et populations étudiées (Tableau 2, Annexe 3 et Tableau 3, Annexe 3).

L'analyse de la variance est significative ($P \leq 0,05$) pour le cas localités ; par contre, elle est non significative ($P \geq 0,05$) pour les cas « populations » « races » (Tableau 39).

Tableau 39 : Analyse de la variance (Variable LO)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	52927,701	1430,478	9,701	< 0,0001
Erreur	482	71073,400	147,455		
Total corrigé	519	124001,101			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 40 : Paramètres du modèle (Variable LO)

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	2,718	9,279	0,293	0,770	-15,516	20,951
Azerghaf	3,774	3,649	1,034	0,301	-3,395	10,943
Mahri	1,619	12,414	0,130	0,896	-22,774	26,012
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	0,823	12,322	0,067	0,947	-23,389	25,034
Alemlagh	1,169	2,166	0,540	0,590	-3,088	5,425
Amelal	-1,422	12,326	-0,115	0,908	-25,641	22,797
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	-1,465	3,904	-0,375	0,708	-9,136	6,205
Asskrem	-0,181	4,054	-0,045	0,964	-8,147	7,785
Hirafok	-2,320	4,377	-0,530	0,596	-10,920	6,281
In-amguel	-1,899	3,678	-0,516	0,606	-9,126	5,329
Izerzene	-5,673	13,235	-0,429	0,668	-31,679	20,333
Izerzi	-2,122	4,069	-0,521	0,602	-10,117	5,874
Silet	-2,461	4,015	-0,613	0,540	-10,350	5,428
Tamanrasset	18,966	3,722	5,095	< 0,0001	11,652	26,280
Tarhnent	-0,686	4,102	-0,167	0,867	-8,746	7,373
Tin-Tarabine	-3,338	3,712	-0,899	0,369	-10,631	3,955
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable LO) :

$LO = 2,71 + 3,77 * Azerghaf + 1,61 * Mahri + 0,82 * Abahou + 1,16 * Alemlagh - 1,42 * Amelal - 1,46 * Abalessa - 0,18 * Asskrem - 2,31 * Hirafok - 1,89 * In-amguel + 0,73 * Izerzene - 2,12 * Izerzi - 2,46 * Silet + 18,96 * Tamanrasset - 0,68 * Tarhnt - 3,33 * Tin-Tarabine + 14,94.$

1.1.2.12. Longueur du cou (Lco)

La moyenne de la longueur du cou peut atteindre $126,49 \pm 10,65$ cm. La localité d'Izernene se distingue par une longueur du cou grande ($133,31 \pm 5,30$ cm) à l'opposé de la localité de Tarhnt ($120,07 \pm 11,34$ cm) (Figure 12, Annexe 4).

Le phénotype Azerghaf à la valeur la plus élevée ($126,27 \pm 8,41$ cm) (Tableau 2, Annexe 3). La population Marouki à la valeur la plus basse ($118,65 \pm 11,69$ cm) (Tableau 3, Annexe 2).

L'analyse de la variance est hautement significative pour les cas populations et races ($P \leq 0,001$) ce qui explique la variabilité très large entre les différents cas étudiés pour le paramètre longueur du cou. Par contre, elle est non significative pour le cas localités ($p > 0,05$) (Tableau 41).

Tableau 41 : Analyse de la variance (Variable Lco)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	51674,145	1396,599	4,481	< 0,0001
Erreur	482	150218,623	311,657		
Total corrigé	519	201892,767			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 42 : Paramètres du modèle (Variable Lco)

Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	121,600	13,491	9,014	< 0,0001	95,092	148,108
Azerghaf	6,705	5,304	1,264	0,207	-3,717	17,128
Mahri	10,839	18,048	0,601	0,548	-24,624	46,302
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-4,639	17,914	-0,259	0,796	-39,838	30,560
Alemlagh	-0,120	3,149	-0,038	0,970	-6,308	6,068
Amelal	-5,288	17,919	-0,295	0,768	-40,498	29,921
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	-4,859	5,675	-0,856	0,392	-16,011	6,292
Asskrem	-5,846	5,894	-0,992	0,322	-17,427	5,735
Hirafok	-4,380	6,364	-0,688	0,492	-16,884	8,124
In-amguel	-3,298	5,347	-0,617	0,538	-13,804	7,209
Izerzene	3,585	19,242	0,186	0,852	-34,223	41,393
Izerzi	-5,029	5,916	-0,850	0,396	-16,653	6,595
Silet	-4,689	5,837	-0,803	0,422	-16,159	6,780
Tamanrasset	-7,454	5,412	-1,377	0,169	-18,087	3,180
Tarhnt	-10,431	5,963	-1,749	0,081	-22,148	1,287
Tin-Tarabine	-28,876	5,396	-5,351	< 0,0001	-39,479	-18,274
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable Lco) :

Lco = 121,60+6,70* Azerghaf+10,83* Mahri-4,63* Abahou-0,12* Alemlagh-5,28* Amelal-4,85* Abalessa-5,84* -Asskrem-4,37* Hirafok-3,29* In-amguel+3,12* Izerzene-5,02* Izerzi-4,68* Silet-7,45* Tamanrasset-10,43* Tarhnent-28,87* Tin-Tarabine-23,52.

1.1.2.13. Longueur de la queue (LQ)

La longueur moyenne de la queue est de 61,09 ± 5,38 cm. Les plus grandes valeurs se localisent dans les localités d'Izernene (65 cm) et Izerzi (63 cm) (Figure 13, Annexe 4 et Tableau 1, Annexe 3).

Par rapport aux races étudiées (phénotypes), la valeur maximale est de 59,87 ± 6,66 cm chez Azzerghaf. La population Mahri a une valeur moyenne de 57,12 ± 4,96 cm (Tableau 2, Annexe 3 et Tableau 3, Annexe 3).

L'analyse de la variance du paramètre Longueur de la queue est non significative pour les différents cas étudiés ce qui explique l'homogénéité de la population (Tableau 43).

Tableau 43 : Analyse de la variance (Variable LQ)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	12992,115	351,138	6,099	< 0,0001
Erreur	482	27752,073	57,577		
Total corrigé	519	40744,188			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 44 : Paramètres du modèle (Variable LQ)

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	64,848	5,799	11,183	< 0,0001	53,454	76,241
Azerghaf	-0,680	2,280	-0,298	0,766	-5,160	3,799
Mahri	-1,627	7,757	-0,210	0,834	-16,870	13,615
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-0,117	7,700	-0,015	0,988	-15,246	15,012
Alemlagh	1,109	1,354	0,819	0,413	-1,551	3,769
Amelal	1,493	7,702	0,194	0,846	-13,641	16,626
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	2,603	2,439	1,067	0,286	-2,190	7,396
Asskrem	2,283	2,533	0,901	0,368	-2,694	7,261
Hirafok	3,548	2,735	1,297	0,195	-1,827	8,922
In-amguel	3,395	2,298	1,477	0,140	-1,121	7,911
Izerzene	18,224	8,270	2,203	0,028	1,973	34,475
Izerzi	4,308	2,543	1,694	0,091	-0,688	9,304
Silet	3,605	2,509	1,437	0,151	-1,324	8,535
Tamanrasset	-6,956	2,326	-2,991	0,003	-11,526	-2,386
Tarhnent	0,821	2,563	0,320	0,749	-4,216	5,857
Tin-Tarabine	1,518	2,319	0,655	0,513	-3,039	6,076
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable LQ) :

LQ = 64,84-0,68* Azerghaf-1,62* Mahri-0,11* Abahou+1,10* Alemlagh+1,49* Amelal+2,60* Abalessa+2,28* Asskrem+3,54* Hirafok+3,39* In-amguel+5,10* Izernene+18,22* Izerzene+4,30* Izerzi+3,60* Silet-6,95* Tamanrasset+0,82* Tarhnent+1,51* Tin-Tarabine-13,99.

1.1.2.14. Longueur du Gigot (LGi)

La longueur moyenne du Gigot est de 32,91 cm. Elle est nettement élevée dans la localité d'Izernene par rapport aux autres localités (Figure 14, Annexe 4 et (Tableau 1, Annexe 3). Les phénotypes Abahou et Azerghaf présentent la même Longueur du Gigot (34 cm) (Tableau 2, Annexe 3).

L'analyse de la variance est moyennement significative pour le cas localités ($P \leq 0,01$) ce qui explique la variabilité moyennement large entre les différents types étudiés. Elle est non significative pour les cas « populations » et « races » ($P \geq 0,05$) (Tableau 45).

Tableau 45 / Analyse de la variance (Variable LGi)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	5808,283	156,981	0,942	0,570
Erreur	482	80307,248	166,613		
Total corrigé	519	86115,531			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 46 : Paramètres du modèle (Variable LGi)

Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	29,517	9,864	2,992	0,003	10,135	48,899
Azerghaf	0,295	3,878	0,076	0,939	-7,326	7,915
Mahri	2,715	13,196	0,206	0,837	-23,214	28,644
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-0,904	13,098	-0,069	0,945	-26,641	24,832
Alemlagh	0,827	2,303	0,359	0,720	-3,697	5,352
Amelal	-2,431	13,102	-0,186	0,853	-28,175	23,313
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	1,765	4,150	0,425	0,671	-6,389	9,918
Asskrem	3,736	4,309	0,867	0,386	-4,732	12,203
Hirafok	7,150	4,653	1,537	0,125	-1,993	16,292
In-amguel	5,907	3,910	1,511	0,132	-1,776	13,589
Izerzene	3,044	14,069	0,216	0,829	-24,600	30,688
Izerzi	2,120	4,325	0,490	0,624	-6,379	10,619
Silet	3,403	4,268	0,797	0,426	-4,983	11,789
Tamanrasset	2,775	3,957	0,701	0,483	-5,000	10,550
Tarhnent	2,760	4,360	0,633	0,527	-5,808	11,327
Tin-Tarabine	2,787	3,945	0,706	0,480	-4,965	10,540
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable LGi) :

LGi = 29,51+0,29* Azerghaf+2,71* Mahri-0,90* Abahou+0,82* Alemlagh-2,43* Amelal+1,76* Abalessa+3,73* Asskrem+7,14* Hirafok+5,90* In-amguel+5,15* Izerzi+3,40* Silet+2,77* Tamanrasset+2,75* Tarhntent+2,78* Tin-Tarabine-4,34.

1.1.2.15. Longueur à la charge (LCh)

La Longueur moyenne à la charge est comprise entre 27 et 33 cm pour les différentes localités, races et populations (Figure 15, Annexe 4 et Tableau 1, Annexe 3).

L'analyse de la variance est hautement significative pour le cas localités ($P \leq 0,001$) ce qui explique la variabilité très large entre les différents cas étudiés pour le paramètre Longueur à la charge. Par contre, elle est significative ($P < 0,05$) pour le cas «populations» et non significative ($P \geq 0,05$) pour le cas « races » (Tableau 47).

Tableau 47 : Analyse de la variance (Variable LCh)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	1908,822	51,590	3,501	< 0,0001
Erreur	482	7102,055	14,735		
Total corrigé	519	9010,877			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 48 : Paramètres du modèle (Variable LCh)

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	32,341	2,933	11,025	< 0,0001	26,577	38,104
Azerghaf	0,035	1,153	0,030	0,976	-2,232	2,301
Mahri	1,711	3,924	0,436	0,663	-6,000	9,422
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-1,020	3,895	-0,262	0,794	-8,674	6,633
Alemlagh	0,826	0,685	1,207	0,228	-0,519	2,172
Amelal	-1,035	3,896	-0,266	0,791	-8,691	6,620
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	2,937	1,234	2,380	0,018	0,512	5,362
Asskrem	2,500	1,282	1,951	0,052	-0,018	5,018
-Hirafok	3,685	1,384	2,663	0,008	0,966	6,403
In-amguel	4,326	1,163	3,720	0,000	2,041	6,610
Izerzene	11,063	4,184	2,644	0,008	2,843	19,284
Izerzi	0,922	1,286	0,717	0,474	-1,605	3,450
Silet	2,457	1,269	1,936	0,053	-0,037	4,951
Tamanrasset	3,318	1,177	2,820	0,005	1,006	5,630
Tarhntent	0,620	1,297	0,478	0,633	-1,928	3,167
Tin-Tarabine	3,172	1,173	2,703	0,007	0,866	5,477
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable LCh) :

$LCh = 32,34 + 3,45 * Azerghaf + 1,71 * Mahri - 1,02 * Abahou + 0,82 * Alemlagh - 1,03 * Amelal + 2,93 * Abalessa + 2,49 * Asskrem + 3,68 * Hirafok + 4,32 * In-amguel + 4,22 * Izerzene + 0,92 * Izerzi + 2,45 * Silet + 3,31 * Tamanrasset + 0,61 * Tarhnent + 3,17 * Tin-Tarabine - 8,67.$

1.1.2.16. Longueur au tranchanter (LTra)

La moyenne de la longueur au Tranchanter est assez stable pour les différentes localités, races et populations étudiées ($19,97 \pm 2,64$ cm) (Figure 16, Annexe 4 et Tableau 1, 2 et 3, Annexe 3).

L'analyse de la variance est significative pour les trois cas étudiés ($p \geq 0,05$) (Tableau 49).

Tableau 49 : Analyse de la variance (Variable LTra)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	1019,819	27,563	2,690	< 0,0001
Erreur	482	4939,287	10,247		
Total corrigé	519	5959,106			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 50 : Paramètres du modèle (Variable LTra)

Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	24,760	2,446	10,121	< 0,0001	19,953	29,566
Azerghaf	0,110	0,962	0,114	0,909	-1,780	2,000
Mahri	-3,664	3,273	-1,120	0,263	-10,094	2,767
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	3,984	3,248	1,226	0,221	-2,399	10,366
Alemlagh	-0,022	0,571	-0,038	0,970	-1,144	1,100
Amelal	3,917	3,249	1,206	0,229	-2,467	10,302
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	0,220	1,029	0,214	0,831	-1,802	2,242
Asskrem	-0,108	1,069	-0,101	0,920	-2,208	1,992
Hirafok	0,506	1,154	0,439	0,661	-1,761	2,773
In-amguel	0,092	0,970	0,095	0,924	-1,813	1,998
Izerzene	1,505	3,489	0,431	0,666	-5,351	8,361
Izerzi	3,402	1,073	3,172	0,002	1,294	5,510
Silet	-0,376	1,058	-0,356	0,722	-2,456	1,703
Tamanrasset	0,135	0,981	0,137	0,891	-1,793	2,063
Tarhnent	0,463	1,081	0,428	0,669	-1,662	2,588
Tin-Tarabine	-0,203	0,978	-0,208	0,835	-2,126	1,719
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable LTra) :

$L\text{Tra} = 24,75 + 0,10 * \text{Azerghaf} - 3,66 * \text{Mahri} + 3,98 * \text{Abahou} - 2, * \text{Alemlagh} + 3,91 * \text{Amelal} + 0,22 * 0,10 * \text{Asskrem} + 0,50 * \text{Hirafok} + 9,24 * \text{In-amguel} + 0,73 * \text{Izerzene} + 3,40 * \text{Izerzi} - 0,37 * \text{Silet} + 0,13 * \text{Tamanrasset} + 0,46 * \text{Tarhnet} - 0,20 * \text{Tin-Tarabine} - 7,67.$

1.1.2.17. Profondeur de la poitrine (PP)

La profondeur de la poitrine présente une variabilité assez importante avec une moyenne de l'ordre de $56,99 \pm 4,27$ cm (Figure 17, Annexe 4). Elle est de 58 cm pour les localités de Tamanrasset, Asskrem, Silet et d'Abalessa et de 53 cm dans la localité de Tin-Amzi (Tableau 1, Annexe 3).

Chez les phénotypes Abahou, Amellal et Azzerghaf, Cette valeur s'établit à 57 cm chez les phénotypes Abahou, Amellal et Azzerghaf et à 56 cm chez le phénotype Atlagh (Tableau 2, Annexe 3).

L'analyse de la variance est significative pour le cas localités ($P \leq 0,001$) ce qui explique la variabilité très large entre les différents cas étudiés pour le paramètre Profondeur de la poitrine. Pour les cas races et populations, elle est significative ($P \leq 0,05$) (Tableau 51).

Tableau 51 : Analyse de la variance (Variable PP)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	2222,468	60,067	3,293	< 0,0001
Erreur	482	8792,656	18,242		
Total corrigé	519	11015,123			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 52 : Paramètres du modèle (Variable PP)

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	56,054	3,264	17,174	< 0,0001	49,641	62,468
Azerghaf	1,280	1,283	0,998	0,319	-1,241	3,802
Mahri	3,199	4,366	0,733	0,464	-5,380	11,779
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-2,718	4,334	-0,627	0,531	-11,234	5,798
Alemlagh	1,415	0,762	1,857	0,064	-0,082	2,912
Amelal	-2,461	4,335	-0,568	0,571	-10,979	6,058
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	4,745	1,373	3,456	0,001	2,047	7,443
Asskrem	5,722	1,426	4,013	< 0,0001	2,921	8,524
Hirafok	1,493	1,540	0,970	0,333	-1,532	4,518
In-amguel	3,332	1,294	2,576	0,010	0,790	5,874
Izerzene	-1,160	4,655	-0,249	0,803	-10,307	7,988

Izerzi	6,025	1,431	4,210	< 0,0001	3,213	8,837
Silet	3,513	1,412	2,488	0,013	0,738	6,288
Tamanrasset	2,820	1,309	2,154	0,032	0,247	5,393
Tarhnent	2,656	1,443	1,841	0,066	-0,179	5,490
Tin-Tarabine	3,053	1,305	2,339	0,020	0,488	5,618
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable PP) :

PP = 56,05+1,28* Azerghaf+3,19*Races-Mahri-2,71* Abahou+1,41* Alemlagh-2,46* Amelal+4,74* Abalessa+5,72* Asskrem+1,49* Hirafok+3,33* In-amguel+3,13* Izerzene+6,02* Izerzi+3,51* Silet+2,82* Tamanrasset+2,65* Tarhnent+3,05* Tin-Tarabine-4,59.

1.1.2.18. Tour à la bosse (Tbo)

La moyenne du Tour à la bosse est de 234,82 ± 19,75 cm avec une valeur élevée de l'ordre de 244 ± 20,83 dans la localité d'Asskrem. Celle-ci s'établit à 224 ± 19,50 cm dans la localité d'Izerzi (Tableau 1, Annexe 3).

Elle est relativement moyenne pour les différents phénotypes étudiés (232,70 ± 18,99 cm) ((Tableau 2, Annexe 3). Par contre, elle est importante pour la population Azerghaf (233 ± 18,83 cm) (Figure 18, Annexe 4 et Tableau 3, Annexe 3).

L'analyse de la variance est significative pour le cas populations ($P \leq 0,01$) ce qui explique la variabilité très large entre les différents cas étudiés pour le paramètre Tour à la bosse. En revanche, elle est non significative pour les cas « races » et « localités » (Tableau 53).

Tableau 53 : Analyse de la variance (Variable Tbo)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	392070,567	10596,502	5,214	< 0,0001
Erreur	482	979554,771	2032,271		
Total corrigé	519	1371625,339			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 54 : Paramètres du modèle (Variable Tbo)

Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	258,076	34,450	7,491	< 0,0001	190,386	325,766
Azerghaf	6,541	13,545	0,483	0,629	-20,074	33,156
Mahri	69,527	46,088	1,509	0,132	-21,031	160,084
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-73,322	45,745	-1,603	0,110	-163,206	16,563
Alemlagh	-8,117	8,042	-1,009	0,313	-23,919	7,685
Amelal	-73,046	45,759	-1,596	0,111	-162,957	16,865
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	3,221	14,492	0,222	0,824	-25,255	31,697
Asskrem	11,878	15,050	0,789	0,430	-17,694	41,451
Hirafok	1,209	16,250	0,074	0,941	-30,721	33,139
In-amguel	-4,466	13,655	-0,327	0,744	-31,296	22,365
Izerzene	2,538	49,136	0,052	0,959	-94,009	99,085
Izerzi	-10,789	15,107	-0,714	0,475	-40,472	18,894
Silet	4,102	14,906	0,275	0,783	-25,186	33,391
Tamanrasset	1,834	13,819	0,133	0,894	-25,319	28,987
Tarhnent	-4,932	15,228	-0,324	0,746	-34,853	24,989
Tin-Tarabine	-67,271	13,779	-4,882	< 0,0001	-94,346	-40,196
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable Tbo) :

Tbo = 258,07+6,54* Azerghaf+69,52* Mahri-73,32* Abahou-8,11* Alemlagh-73,04* Amelal+3,22* Abalessa+11,87* Asskrem+1,20* Hirafok-4,46* In-amguel+4,50* Izerzene-10,78* Izerzi+4,10* Silet+1,83* Tamanrasset-4,93* Tarhnent-67,27* Tin-Tarabine-33,87.

1.1.2.19. Tour à la poitrine (TP)

La moyenne de Tour à la poitrine est de 190,23 ± 14,43 cm. La localité de Hirafok présente la plus grande valeur (192 ± 16,48 cm) (Tableau 1, Annexe 3).

Les races Amellal, Abahou et Azerghaf (populations Mahri et Azerghaf) présentent les valeurs les plus élevées (192 cm) à l'opposé des races Alemlagh et Atlagh (population Marouki) dont le Tour à la poitrine n'est que de 186 cm (Figure 19, Annexe 4 et Tableau 2, Annexe 3).

L'analyse de la variance est hautement significative pour le cas populations ($P \leq 0,001$). Par contre, elle est moyennement significative ($P \leq 0,01$) pour le cas « races » et significative ($P \leq 0,05$) pour le cas localités (Tableau 55).

Tableau 55 : Analyse de la variance (Variable TP)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	90255,500	2439,338	3,247	< 0,0001
Erreur	482	362117,986	751,282		
Total corrigé	519	452373,486			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 56 : Paramètres du modèle (Variable TP)

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	193,331	20,946	9,230	< 0,0001	152,175	234,487
Azerghaf	10,901	8,236	1,324	0,186	-5,281	27,084
Mahri	27,061	28,022	0,966	0,335	-27,999	82,122
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-24,317	27,813	-0,874	0,382	-78,968	30,333
Alemlagh	7,486	4,890	1,531	0,126	-2,122	17,093
Amelal	-26,827	27,822	-0,964	0,335	-81,494	27,840
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	8,929	8,811	1,013	0,311	-8,385	26,242
Asskrem	15,681	9,151	1,714	0,087	-2,299	33,662
Hirafok	10,586	9,880	1,071	0,285	-8,828	29,999
In-amguel	10,980	8,302	1,323	0,187	-5,333	27,293
Izerzene	14,898	29,875	0,499	0,618	-43,803	73,599
Izerzi	3,952	9,185	0,430	0,667	-14,096	21,999
Silet	14,383	9,063	1,587	0,113	-3,425	32,191
Tamanrasset	13,124	8,402	1,562	0,119	-3,386	29,633
Tarhnent	5,856	9,259	0,632	0,527	-12,336	24,048
Tin-Tarabine	-15,604	8,378	-1,863	0,063	-32,066	0,858
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable TP) :

TP = 193,33+10,90* Azerghaf+27,06* Mahri-24,31* Abahou+7,48* Alemlagh-26,82* Amelal+8,92* Abalessa+15,68* Asskrem+10,58* Hirafok+10,98* In-amguel+14,08* Izerzene+3,95* Izerzi+14,38* Silet+13,12* Tamanrasset+5,85* Tarhnent-15,60* Tin-Tarabine-34,81.

1.1.2.20. Tour au sternum (TSt)

La moyenne du Tour au sternum présente une valeur de $204,92 \pm 13,33$ cm. Les localités les plus représentatives sont Izerzene et Silet avec une valeur de 208 cm. En revanche, Tin-Amzi présente la moyenne la plus faible avec 195 cm (Figure 20, Annexe 4 et Tableau 1, Annexe 3).

Le phénotype Azerghaf présente la moyenne la plus élevée ($206,73 \pm 69$ cm) contrairement au phénotype Abahou dont la moyenne n'est que de ($192 \pm 13,34$ cm) (Tableau 2, Annexe 3).

L'analyse de la variance est non significative ($P > 0,05$) pour les cas races, localités et populations ce qui explique l'homogénéité entre les différents cas étudiés (Tableau 57).

Tableau 57 : Analyse de la variance (Variable TSt)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	173791,322	4697,063	3,691	< 0,0001
Erreur	482	613310,927	1272,429		
Total corrigé	519	787102,248			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 58 : Paramètres du modèle (Variable TSt)

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	202,663	27,259	7,435	< 0,0001	149,101	256,224
Azerghaf	10,572	10,718	0,986	0,324	-10,488	31,631
Mahri	50,460	36,468	1,384	0,167	-21,196	122,116
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-45,300	36,197	-1,251	0,211	-116,423	25,823
Alemlagh	8,453	6,363	1,328	0,185	-4,051	20,956
Amelal	-42,939	36,208	-1,186	0,236	-114,083	28,205
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	9,645	11,467	0,841	0,401	-12,887	32,178
Asskrem	10,441	11,909	0,877	0,381	-12,959	33,841
Hirafok	10,532	12,858	0,819	0,413	-14,733	35,797
In-amguel	4,358	10,805	0,403	0,687	-16,872	25,588
Izerzene	10,195	38,880	0,262	0,793	-66,199	86,590
Izerzi	6,063	11,953	0,507	0,612	-17,425	29,550
Silet	7,161	11,795	0,607	0,544	-16,014	30,336
Tamanrasset	9,796	10,935	0,896	0,371	-11,690	31,281
Tarhnent	10,678	12,049	0,886	0,376	-12,997	34,354
Tin-Tarabine	-36,588	10,903	-3,356	0,001	-58,011	-15,164
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable TSt) :

TSt = 202,66+10,57* Azerghaf+50,45* Mahri-45,29* Abahou+8,45* Alemlagh-42,93* Amelal+9,64* Abalessa+10,44* Asskrem+10,53* Hirafok+4,35* In-amguel+11,36* Izerzi+7,16* Silet+9,79* Tamanrasset+10,67* Tarhnent-36,58* Tin-Tarabine-61,42.

1.1.2.21. Tour au canon (TCa)

Le Tour au canon présente une valeur moyenne de l'ordre de $24,62 \pm 2,80$ cm. La plus grande moyenne (25 cm) est enregistrée dans les localités d'Abalessa et Tarahnent (Tableau 1, Annexe 3) chez la race Abahou (Tableau 2, Annexe 3) et chez toutes les populations étudiées (Figure 21, Annexe 4 et Tableau 3, Annexe 3).

L'analyse de la variance est significative ($P \leq 0,05$) pour le cas « races » et non significative ($P \geq 0,05$) pour les cas « localités » et « populations » ce qui explique la

variabilité très large entre les différents types étudiés pour le paramètre Tour au canon (Tableau 59).

Tableau 59 : Analyse de la variance (Variable Tca)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	1452,648	39,261	4,237	< 0,0001
Erreur	482	4465,775	9,265		
Total corrigé	519	5918,423			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 60 : Tableau Paramètres du modèle (Variable Tca)

Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	27,773	2,326	11,940	< 0,0001	23,202	32,343
Azerghaf	-1,418	0,915	-1,550	0,122	-3,215	0,379
Mahri	-0,768	3,112	-0,247	0,805	-6,882	5,347
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	1,391	3,089	0,450	0,653	-4,678	7,460
Alemlagh	-0,559	0,543	-1,029	0,304	-1,626	0,508
Amelal	1,128	3,090	0,365	0,715	-4,942	7,199
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	0,235	0,979	0,240	0,810	-1,688	2,157
Asskrem	-0,446	1,016	-0,439	0,661	-2,443	1,551
Hirafok	0,461	1,097	0,420	0,675	-1,695	2,617
In-amguel	-0,122	0,922	-0,132	0,895	-1,933	1,690
Izerzene	-0,370	3,318	-0,111	0,911	-6,889	6,149
Izerzi	2,834	1,020	2,778	0,006	0,830	4,838
Silet	-0,415	1,006	-0,412	0,680	-2,392	1,563
Tamanrasset	0,216	0,933	0,232	0,817	-1,617	2,049
Tarhnent	1,751	1,028	1,703	0,089	-0,269	3,772
Tin-Tarabine	-2,622	0,930	-2,818	0,005	-4,450	-0,794
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable Tca) :

$Tca = 27,77 - 1,41 * \text{Azerghaf} - 0,76 * \text{Mahri} + 1,39 * \text{Abahou} + 0,55 * \text{Alemlagh} + 1,12 * \text{Amelal} + 0,23 * \text{Abalessa} - 0,44 * \text{Asskrem} + 0,46 * \text{Hirafok} - 0,12 * \text{In-amguel} - 0,69 * \text{Izerzene} + 2,83 * \text{Izerzi} - 0,41 * \text{Silet} + 0,21 * \text{Tamanrasset} + 1,75 * \text{Tarhnent} - 2,62 * \text{Tin-Tarabine} - 4,96 * \text{Tin-amzi}$

1.1.2.22. Tour au coussinet (Tcou)

Le tour au coussinet à une moyenne de $65,68 \pm 4,47$ cm avec une valeur maximale (68 cm) dans la localité d'Asskrem (Tableau 1, Annexe 3).

Les phénotypes Amelal et Azerghaf qui englobent respectivement les populations de Mahri et Azerghaf ont une valeur de 68 cm (Figure 22, Annexe 4 et Tableau 2, Annexe 3).

L'analyse de la variance est non significative ($P \geq 0,05$) pour les différents cas étudiés ce qui explique l'homogénéité entre les différents cas étudiés pour le paramètre Tour au coussinet (Tableau 61).

Tableau 61 : Analyse de la variance (Variable Tcou)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	3246,878	87,753	4,734	< 0,0001
Erreur	482	8934,797	18,537		
Total corrigé	519	12181,675			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 62 : Paramètres du modèle (Variable Tcou)

Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	63,906	3,290	19,424	< 0,0001	57,441	70,371
Azerghaf	-0,575	1,294	-0,444	0,657	-3,117	1,967
Mahri	0,439	4,402	0,100	0,921	-8,210	9,088
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-0,313	4,369	-0,072	0,943	-8,897	8,272
Alemlagh	0,843	0,768	1,097	0,273	-0,666	2,352
Amelal	0,061	4,370	0,014	0,989	-8,526	8,648
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	0,292	1,384	0,211	0,833	-2,428	3,012
Asskrem	5,079	1,437	3,533	0,000	2,254	7,903
Hirafok	1,901	1,552	1,225	0,221	-1,148	4,951
In-amguel	1,630	1,304	1,250	0,212	-0,932	4,192
Izerzene	3,711	4,693	0,791	0,429	-5,510	12,931
Izerzi	1,911	1,443	1,325	0,186	-0,923	4,746
Silet	1,595	1,424	1,120	0,263	-1,202	4,392
Tamanrasset	1,059	1,320	0,802	0,423	-1,534	3,652
Tarhnent	2,102	1,454	1,445	0,149	-0,756	4,960
Tin-Tarabine	2,026	1,316	1,540	0,124	-0,560	4,612
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable Tcou) :

$Tcou = 63,90 - 0,57 * Azerghaf + 0,43 * Mahri - 0,31 * Abahou + 0,84 * Alemlagh + 6,06 * Amelal + 0,29 * Abalessa + 5,07 * Asskrem + 1,90 * Hirafok + 1,62 * In-amguel + 2,82 * Izerzene + 1,91 * Izerzi + 1,59 * Silet + 1,05 * Tamanrasset + 2,10 * Tarhnent + 2,02 * Tin-Tarabine - 8,35$.

1.1.2.23. Tour de bas de ventre (TVB)

La moyenne du Tour de bas de ventre présente une variabilité remarquable, soit $180,14 \pm 16,44$ cm. La valeur maximale (187 cm) est observée dans la localité d'Asskrem (Tableau 1, Annexe 3). Celle-ci est de 181 cm chez le phénotype Amelal qui représente la

« race » Mahri dont la valeur moyenne est de $181,11 \pm 14,84$ cm (Figure 23, Annexe 4, Tableau 2 et Tableau 3, Annexe 3).

L'analyse de la variance est non significative ($P \geq 0,05$) pour les différents cas étudiés ce qui explique l'homogénéité entre les différents cas étudiés pour le paramètre Tour de bas de ventre (Tableau 63).

Tableau 63 : Analyse de la variance (Variable TVB)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	30550,912	825,700	4,051	< 0,0001
Erreur	482	98248,126	203,834		
Total corrigé	519	128799,038			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 64 : Paramètres du modèle (Variable TVB)

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	192,450	10,910	17,639	< 0,0001	171,013	213,888
Azerghaf	-6,950	4,290	-1,620	0,106	-15,379	1,479
Mahri	9,108	14,596	0,624	0,533	-19,571	37,788
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-8,685	14,487	-0,599	0,549	-37,151	19,781
Alemlagh	8,583	2,547	3,370	0,001	3,578	13,587
Amelal	-5,321	14,492	-0,367	0,714	-33,796	23,154
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	5,767	4,590	1,257	0,210	-3,251	14,786
Asskrem	12,009	4,766	2,520	0,012	2,644	21,375
Hirafok	9,111	5,146	1,770	0,077	-1,002	19,223
In-amguel	1,394	4,324	0,322	0,747	-7,103	9,891
Izerzene	21,074	15,561	1,354	0,176	-9,502	51,650
Izerzi	-0,272	4,784	-0,057	0,955	-9,672	9,129
Silet	4,177	4,721	0,885	0,377	-5,099	13,452
Tamanrasset	4,918	4,377	1,124	0,262	-3,681	13,518
Tarhnent	12,566	4,823	2,606	0,009	3,090	22,042
Tin-Tarabine	7,077	4,364	1,622	0,106	-1,497	15,652
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable TVB) :

TVB = 192,45-6,95* Azerghaf+9,10* Mahri-8,68* Abahou+8,58* Alemlagh-5,32* Amelal+5,76* Abalessa+12,00* Asskrem+9,11* Hirafok+1,39* In-amguel+1,67* Izerzene-0,27* Izerzi+4,17* Silet+4,91* Tamanrasset+12,56* Tarhnent+7,07* Tin-Tarabine-27,34.

1.1.2.24. Distance entre les trayons (DT)

La valeur maximale de la distance entre les trayons (3 cm) est enregistrée dans les localités d'Izernene, Asskrem et Abalessa (Tableau 1, Annexe 2) notamment pour le phénotype Alemlagh ($3,17 \pm 0,97$ cm) (Tableau 2, Annexe 2). La « race » Marouki ($2,95 \pm 0,81$ cm) est plus indicative par rapport à la « race » Mahri ($2,84 \pm 0,71$) (Figure 24, Annexe 4 et Tableau 2, annexe 3).

L'analyse de la variance est significative ($P \leq 0,05$) pour les cas « races » et « localités » ce qui explique une large variabilité entre les différents cas étudiés pour le paramètre distance entre les trayons. Elle est non significative pour le cas populations ($p \geq 0,05$) (Tableau 65).

Tableau 65 : Analyse de la variance (Variable DT)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	4228,652	114,288	1,550	0,023
Erreur	482	35536,785	73,728		
Total corrigé	519	39765,437			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 66 : Paramètres du modèle (Variable DT)

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	10,005	6,562	1,525	0,128	-2,888	22,898
Azerghaf	-0,494	2,580	-0,192	0,848	-5,564	4,575
Mahri	10,094	8,778	1,150	0,251	-7,154	27,343
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-12,785	8,713	-1,467	0,143	-29,905	4,335
Alemlagh	0,049	1,532	0,032	0,974	-2,961	3,059
Amelal	-12,136	8,716	-1,392	0,164	-29,261	4,989
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	0,232	2,760	0,084	0,933	-5,191	5,656
Asskrem	1,139	2,867	0,397	0,691	-4,494	6,771
Hirafok	1,713	3,095	0,553	0,580	-4,369	7,794
In-amguel	2,554	2,601	0,982	0,327	-2,557	7,664
Izernene	1,690	2,975	0,568	0,570	-4,155	7,535
Izerzi	-1,052	2,877	-0,366	0,715	-6,706	4,601
Silet	2,097	2,839	0,739	0,461	-3,482	7,675
Tamanrasset	3,643	2,632	1,384	0,167	-1,528	8,815
Tarhnent	-0,470	2,900	-0,162	0,871	-6,169	5,229
Tin-Tarabine	2,671	2,625	1,018	0,309	-2,486	7,828
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable DT) :

DT = 10,00 -0,49* Azerghaf+10,09* Mahri-12,78* Abahou+4,90* Alemlagh-12,13* Amelal+0,23* Abalessa+1,13* Asskrem+1,71* Hirafok+2,55* In-amguel+1,69* Izerzene-1,05* Izerzi+2,09* Silet+3,64* Tamanrasset-0,46* Tarhment+2,67* Tin-Tarabine+0,39.

1.1.2.25. Distance diagonale entre les trayons (DDT)

La moyenne de la Distance diagonale entre les trayons présente une variabilité remarquable. En effet, celle-ci s'établit à $11,14 \pm 2,61$ cm dans la localité d'Izernene contre de $6,36 \pm 3,87$ cm dans la localité d'Izerzi pour une moyenne générale de $8,46 \pm 3,75$ cm (Tableau 1, Annexe 3). Elle est de $9,97 \pm 3,46$ cm pour le phénotype Alemlagh et les « races » de Mahri et Marouki (Figure 25, Annexe 4 ; Tableau 2 et Tableau 3, annexe 3).

L'analyse de la variance est hautement significative pour le paramètre distance diagonale entre les trayons pour les cas races et localités ($P \leq 0,001$) ce qui explique l'hétérogénéité entre les différents cas étudiés. Pour le cas populations, elle est non significative ($P \geq 0,05$) (Tableau 67).

Tableau 67 : Analyse de la variance (Variable DDT)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	9194,166	248,491	2,452	< 0,0001
Erreur	482	48841,652	101,331		
Total corrigé	519	58035,818			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 68 : Paramètres du modèle (Variable DDT)

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	21,572	7,692	2,804	0,005	6,457	36,687
Azerghaf	-0,173	3,025	-0,057	0,954	-6,116	5,770
Mahri	-7,163	10,291	-0,696	0,487	-27,384	13,058
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	11,690	10,215	1,144	0,253	-8,381	31,761
Alemlagh	-0,180	1,796	-0,100	0,920	-3,709	3,348
Amelal	6,992	10,218	0,684	0,494	-13,084	27,069
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	-2,314	3,236	-0,715	0,475	-8,673	4,044
Asskrem	-7,015	3,361	-2,087	0,037	-13,618	-0,411
Hirafok	-6,794	3,629	-1,872	0,062	-13,924	0,336
In-amguel	-4,808	3,049	-1,577	0,115	-10,799	1,183
Izerzene	-3,894	10,972	-0,355	0,723	-25,453	17,664
Izerzi	0,807	3,373	0,239	0,811	-5,821	7,435
Silet	-7,174	3,328	-2,155	0,032	-13,714	-0,634
Tamanrasset	-4,711	3,086	-1,527	0,128	-10,774	1,352
Tarhment	-7,011	3,400	-2,062	0,040	-13,692	-0,329
Tin-Tarabine	-4,059	3,077	-1,319	0,188	-10,105	1,987
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable DDT) :

DDT = 21,57-0,17* Azerghaf-7,16* Mahri+11,69* Abahou-0,18* Alemlagh+6,99* Amelal-2,31* Abalessa-7,01* Asskrem-6,79* Hirafok-4,80* In-amguel-6,28* Izerzene+0,80* Izerzi-7,17* Silet-4,71* Tamanrasset-7,01* Tarhntent-4,05* Tin-Tarabine-1,29.

1.1.2.26. Quantité du lait (QL/j)

La moyenne de la Quantité du lait est de $6,52 \pm 1,30$ l/j pour l'ensemble des localités étudiées avec un pic (6 à 7 l/j) dans les localités de Tin-Amzi et In-Amguel ; le reste présente une valeur de 6 l/j (Figure 26, Annexe 4 et Tableau 1, annexe 3).

L'analyse de la variance est non significative pour le cas « population » ($P \geq 0,05$). Elle est moyennement significative pour le cas « races » et hautement significative pour le cas « localités » ($P \leq 0,001$) e qui explique l'hétérogénéité entre les cas « races et localités » (Tableau 69).

Tableau 69 : Analyse de la variance (Variable QL/j)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	14963,869	404,429	1,142	0,265
Erreur	482	170716,547	354,184		
Total corrigé	519	185680,416			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 70 : Paramètres du modèle (Variable QL/j)

Source	Valeur	Erreur standard	T	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	26,467	14,382	1,840	0,066	-1,792	54,725
Azerghaf	-0,577	5,655	-0,102	0,919	-11,688	10,534
Mahri	-22,851	19,240	-1,188	0,236	-60,656	14,954
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	18,732	19,097	0,981	0,327	-18,792	56,256
Alemlagh	2,676	3,357	0,797	0,426	-3,921	9,272
Amelal	22,974	19,103	1,203	0,230	-14,561	60,509
Atelagh	0,000	0,000				
écotypes/ Azerghaf	0,000	0,000				
Localisation-Abalessa	-2,965	6,050	-0,490	0,624	-14,852	8,923
Localisation-Asskrem	4,554	6,283	0,725	0,469	-7,792	16,899
Localisation-Hirafok	6,817	6,784	1,005	0,315	-6,513	20,147
Localisation-In-amguel	1,305	5,700	0,229	0,819	-9,896	12,506
Localisation-Izernene	8,095	6,520	1,241	0,215	-4,717	20,906
Localisation-Izerzene	3,309	20,513	0,161	0,872	-36,996	43,615
Localisation-Izerzi	-1,709	6,307	-0,271	0,786	-14,101	10,682
Localisation-Silet	-0,537	6,223	-0,086	0,931	-12,764	11,690
Localisation-Tamanrasset	1,119	5,769	0,194	0,846	-10,216	12,455
Localisation-Tarhntent	-3,999	6,357	-0,629	0,530	-16,490	8,493
Localisation-Tin-Tarabine	-0,285	5,752	-0,050	0,960	-11,588	11,017
Localisation-Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable QL/j) :

QL/j = 26,46-0,57* Azerghaf-22,85* Mahri+18,73* Abahou+2,67* Alemlagh+22,97* Amelal-2,96* Abalessa+4,55* Asskrem+6,81* Hirafok+1,30* In-amguel+8,09* Izernene+3,30* Izerzene-1,70* Izerzi-0,53* Silet+1,11* Tamarasset-3,99* Tarhnent-0,28* Tin-Tarabine+0,74.

1.1.2.27. Poids (Pds)

La valeur moyenne du Poids est de 340 Kg pour la majorité des localités sauf pour les localités de Tarahnent (311 Kg) et Tin-Amzi (285 Kg). Ces dernières présentent des valeurs moyennes un peu faible par rapport à la moyenne générale (338,73 ± 60,53 Kg) (Tableau 1, Annexe 3). Les phénotypess Abahou, Amelal et Azerghaf présentent une moyenne élevée (309 Kg) (Tableau 2, Annexe 3). La « race » Marouki à une valeur moyenne plus basse (267,30 ± 1,15 Kg) par rapport aux « races » Azzerghaf (309 Kg) et Mahri (286 Kg) (Figure 27, Annexe 4 et Tableau 3 annexe 3).

L'analyse de la variance est hautement significative ($P \leq 0,001$) ce qui explique la variabilité très large entre les différents cas étudiés pour le paramètre Tour de bas de ventre (Tableau 71).

Tableau 71 : Analyse de la variance (Variable Pds)

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr > F
Modèle	37	1683484,610	45499,584	10,933	< 0,0001
Erreur	482	2005969,719	4161,763		
Total corrigé	519	3689454,329			

Calculé contre le modèle $Y = \text{Moyenne}(Y)$

Tableau 72 : Paramètres du modèle (Variable Pds)

Source	Valeur	Erreur standard	t	Pr > t	Borne inférieure (95%)	Borne supérieure (95%)
Constante	390,873	49,298	7,929	< 0,0001	294,007	487,740
Azerghaf	1,268	19,384	0,065	0,948	-36,819	39,355
Mahri	66,351	65,953	1,006	0,315	-63,240	195,941
Marouki	0,000	0,000				
Abahou	-52,533	65,462	-0,802	0,423	-181,160	76,093
Alemlagh	9,846	11,508	0,856	0,393	-12,766	32,459
Amelal	-39,080	65,482	-0,597	0,551	-167,744	89,585
Atelagh	0,000	0,000				
Azerghaf	0,000	0,000				
Abalessa	41,299	20,739	1,991	0,047	0,549	82,049
Asskrem	41,164	21,538	1,911	0,057	-1,155	83,483
Hirafok	25,191	23,255	1,083	0,279	-20,502	70,884
In-amguel	32,933	19,540	1,685	0,093	-5,462	71,328
Izerzene	66,560	70,315	0,947	0,344	-71,601	204,721

Izerzi	14,708	21,618	0,680	0,497	-27,769	57,185
Silet	46,720	21,331	2,190	0,029	4,808	88,632
Tamanrasset	-7,489	19,776	-0,379	0,705	-46,346	31,368
Tarhment	22,647	21,791	1,039	0,299	-20,171	65,464
Tin-Tarabine	-59,768	19,719	-3,031	0,003	-98,513	-21,023
Tin-amzi	0,000	0,000				

Equation du modèle (Variable Pds) :

$Pds = 390,87 + 1,26 * Azerghaf + 66,35 * Mahri - 52,53 * Abahou + 9,84 * Alemlagh - 39,07 * Amelal + 41,29 * Abalessa + 41,16 * Asskrem + 25,19 * Hirafok + 32,93 * In-amguel - 5,29 * Izerzene + 14,70 * Izerzi + 46,71 * Silet - 7,48 * Tamanrasset + 22,64 * Tarhment - 59,76 * Tin-Tarabine - 203,26$.

Tableau 73 : Synthèse pour tous les Y

	Mahri	Marouki	Azerghaf	Amelal	Abahou	Atelagh	Alemlagh	Azerghaf	HP
R²	1,000	0,969	0,296	1,000	1,000	0,988	0,899	0,794	0,457
F		413,074	5,470			1094,111	116,584	50,073	10,942
Pr > F		< 0,0001	< 0,0001			< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001
	HG	Hge	Hbo	Hba	HCr	LCp	LTr	Lba	Lte
R²	0,240	0,263	0,204	0,205	0,160	0,137	0,175	0,140	0,378
F	4,103	4,660	3,340	3,356	2,490	2,062	2,770	2,117	7,927
Pr > F	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001	0,000	< 0,0001	0,000	< 0,0001
	LO	Lco	LQ	LGi	LCh	LTra	PP	Tbo	TP
R²	0,427	0,256	0,319	0,067	0,212	0,171	0,202	0,286	0,200
F	9,701	4,481	6,099	0,942	3,501	2,690	3,293	5,214	3,247
Pr > F	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001	0,570	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001
	TSt	Tca	Tcou	TVB	DT	DDT	QL/j	Pds	
R²	0,221	0,245	0,267	0,237	0,106	0,158	0,081	0,456	
F	3,691	4,237	4,734	4,051	1,550	2,452	1,142	10,933	
Pr > F	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001	0,023	< 0,0001	0,265	< 0,0001	

1.1.3. Variabilité des Caractères qualitatifs**1.1.3.1. Couleur de la robe**

Les fréquences des différents phénotypes chez la population cameline «Tergui» sont très variables et diversifiées. Cependant, on remarque l'importance de la race *Amelal* (36,538 %) dans toute la population étudiée. A l'opposé, l'éco-type (*Azerghaf*) est peu représenté (2,885 %)

La race *Alemlagh* se trouve dans toutes les localités prospectées avec une fréquence relativement importante (11,154%) comparativement à la race *Amellal*. Par contre, La race (*Azerghaf*) se trouve uniquement dans les localités d'Izernene, Tarhment, Izerzi, In-Amguel et Hirafok sachant que l'effectif échantillonné le plus élevé se trouve dans les localités d'In-Amguel (62 têtes) et Tamanrasset (61 têtes) avec des taux 20,60 % et 20,27

% respectivement (Tableau 74 et Figure 26). La figure 27 (A, B, C, D, E, F, G, H) illustre les phénotypes rencontrés dans la région d'étude.

Tableau 74 : Fréquences des différentes phénotypes chez la population cameline «TERGUI»

Echantillon	Nb. de modalités	Mode	Mode (effectif)	Modalité	Fréquence par modalité (%)
« Races »	3	Mahri	347	Azerghaf	2,885
				Mahri	66,731
				Marouki	30,385
Phénotypes	5	Amelal	190	Abahou	30,000
				Alemlagh	11,154
				Amelal	36,538
				Atelagh	19,423
				Azerghaf	2,885
Localités	12	Tamanrasset	122	Abalessa	9,808
				Askrem	6,346
				Hirafok	3,654
				In-amguel	13,846
				Izernene	4,423
				Izerzi	5,192
				Silet	9,038
				Tamanrasset	23,462
				Tarhnent	5,000
				Tin-Tarabine	16,346
Tin-amzi	2,885				

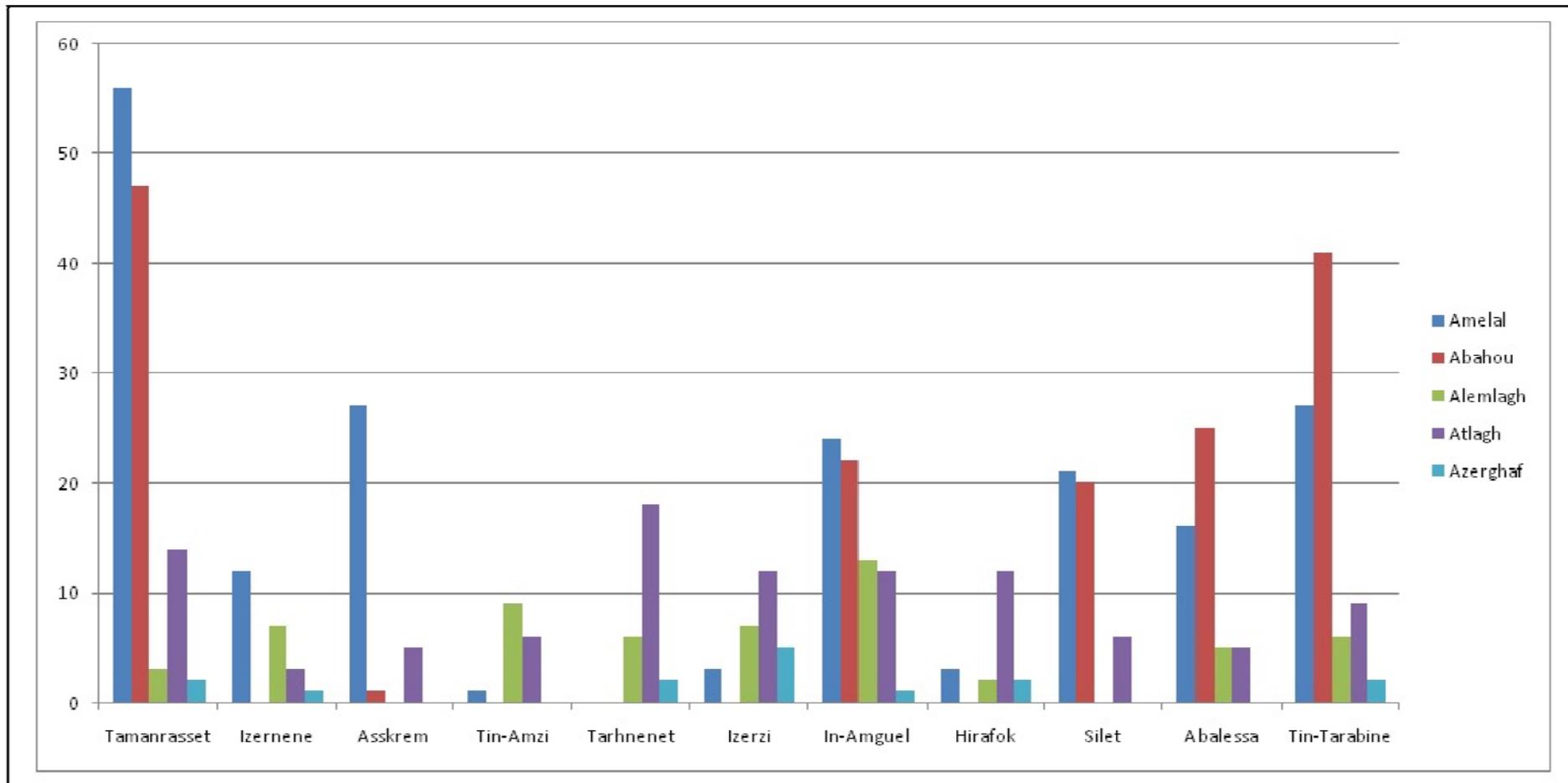
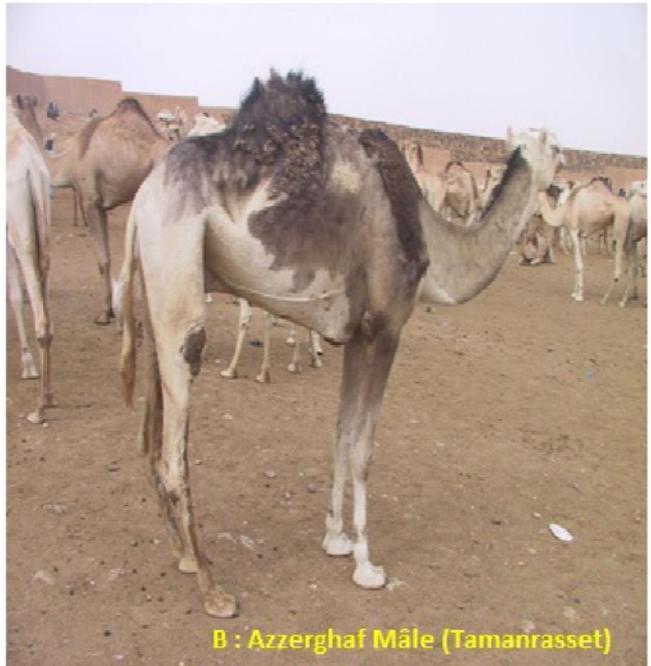


Figure 26 : Les fréquences des échantillons étudiés de la population «TERGUI» par localités et par phénotypes.



A : Amellal Femelle (IZERZI)



B : Azzerghaf Mâle (Tamanrasset)



C : Atlagh mâle (IZERZI)



D : Marouki mâle (IDELES)



Figure 267 : Quelques photos des phénotypes de la population camelines «Tergui» rencontrées dans la zone d'étude.

1.1.4. Analyse multidimensionnelle

1.1.4.1. Analyse en Composantes Principales (ACP)

L'usage de l'ACP permet d'analyser les corrélations entre les différentes variables et d'identifier les races, les phénotypes et les localités qui se distinguent les unes des autres.

Pour le traitement des données morphologiques de caractérisation génétique, Rubin (1967) et Kaufman et Rosseeuw (1990) ont utilisé des analyses en composantes principales pour traiter les données d'un tableau à variables quantitatives et qualitatives. Ainsi, pour un caractère multinominale à 05 couleurs, il ya lieu de lui créer 05 variables nominales. Dans notre cas, celles-ci sont constituées d'Amelal, Abahou, Atlagh, Alemlagh et Azerghaf sachant qu'un individu ne peut avoir qu'une seule variable.

Au seuil de signification de 5 %, la corrélation entre les variables est significative. En utilisant le coefficient de *Pearson*, nous observons des corrélations positives. Cette forte corrélation est remarquée entre les variables notamment les variables dimensionnelles pour les différents cas étudiés (globale, races, phénotypes et localités).

Cependant, on remarque certaines variables sont peu corrélées (Tableau 75 et Annexes 6, 7 et 8).

Tableau 75 : Moyennes et écarts-types des variables quantitatives

Variables	Moyennes	Ecart-Types	Variables	Moyennes	Ecart-Types
HP	112,713	8,886	LCh	31,265	4,163
HG	183,361	16,156	LTra	19,913	3,385
Hge	56,306	4,089	PP	56,973	4,602
Hbo	193,081	26,319	Tbo	223,172	51,359
Hba	172,152	24,551	TP	184,712	29,495
HCr	150,060	20,163	TSt	197,038	38,906
LCp	153,353	24,549	Tca	24,173	3,374
LTr	90,578	7,576	Tcou	65,275	4,840
Lba	39,571	3,694	TVB	180,605	15,738
Lte	58,625	4,236	DT	12,082	8,745
LO	16,140	15,442	DDT	16,727	10,564
Lco	121,271	19,704	QL/j	27,740	18,897
LQ	58,045	8,852	Pds	281,258	84,232
LGi	33,612	12,869			

Pour le cas global, le pourcentage de la variance totale expliqué par chaque axe est mentionné dans le tableau 76. Le pourcentage de la variabilité représenté par les 2 premiers facteurs est faible, soit presque 23%. Quant au choix des axes, le pourcentage de variabilité représenté par les 03 premiers facteurs est particulièrement faible (29,67 %). L’affichage sur F1 comme axe horizontal et F2 comme axe vertical ne suffit pas pour l’interprétation de la projection, ce qui illustre une mauvaise dispersion des individus et une perte de la variance. Le cumul atteint 76,77% seulement jusqu’à l’axe 16 (Tableau 76); ceci nous amène à expliquer l’étude de la variabilité génétique visible et mesurable sur trois cas : par «*racés*», par «*phénotypes*» et par «*localités*».

Pour le cas formulé par «*racés*», le pourcentage de la variance totale expliqué par chaque axe est mentionné dans le tableau 77. Quant au choix des axes, le pourcentage de variabilité représenté par les 02 premiers facteurs est particulièrement très élevé (**100 %**). L’affichage sur F1 comme axe horizontal et F2 comme axe vertical suffit largement pour l’interprétation. On constate que le premier (axe 1) recèle 62,268 % de la variance totale, le suivant décroissant régulièrement au 37,732 % (axe 2). Cela signifie que si on représente les données sur un seul axe, on aura toujours 62,268 % de la variabilité totale qui sera préservée. Le deuxième facteur propre représente 37,732 % de la variabilité totale.

D’après ces résultats, il apparaît que les premiers axes représentent une bonne description de la dispersion des individus puisqu’ils expliquent la totalité (100 % d’inertie cumulée) de la variation totale. Il n’y a donc pas de séparation nette des premiers axes. Le cumul atteint **100 %** seulement jusqu’à l’axe 2, ce qui explique l’importance et la forte contribution de chaque variable.

Tableau 77 : Valeurs propres et la variabilité expliquée pour le cas «global»

Axes	Axe 1	Axe 2	Axe 3
Valeur propre	4,72	3,523	2,431
Variabilité (%)	13,13	9,787	6,752
% cumulé	13,13	22,919	29,671

Tableau 78 : Valeurs propres et la variabilité expliquée pour le cas « races »

Axes	Axe 1	Axe 2
Valeur propre	19,926	12,074
Variabilité (%)	62,268	37,732
Cumulé (%)	62,268	100,000

Pour le cas formulé par «phénotypes», le pourcentage de la variance totale expliqué par chaque axe est mentionné dans le tableau 78. On constate que le premier (axe 1) recèle 50,138 % de la variance totale, le suivant décroissant régulièrement à partir 31,386 % (axe 2), 10,562 % axe (axe 3) et 7,915 % (axe 4). Cela signifie que si on représente les données sur un seul axe, on aura toujours 50,138 % de la variabilité totale qui sera préservée.

D'après ces résultats, il apparaît que ces premiers axes représentent une bonne description de la dispersion des variables puisqu'ils expliquent à eux seuls, presque la totalité de la variation totale (81,523 % d'inertie cumulée).

Tableau 79 : Valeurs propres et la variabilité expliquée pour le cas «phénotypes»

Axes	Axe 1	Axe 2	Axe 3
Valeur propre	15,041	9,416	3,169
Variabilité (%)	50,138	31,386	10,562
% cumulé	50,138	81,523	92,085

Pour le cas formulé par «localités», le tableau 79 explique le pourcentage de la variance totale pour chaque axe. On constate que le premier (axe 1) recèle à lui seul presque la moitié de la variance totale (35,616%) ; les autres décroissent régulièrement à partir de 22,874 % pour l'axe 2 jusqu'à 0,362 % pour l'axe 10. Cela signifie que si on représente les données sur un seul axe, on aura toujours 35,616 % de la variabilité totale qui sera préservée. Il ressort d'après ces résultats que les axes 1, 2 et 3 représentent une bonne description de la dispersion des variables puisqu'ils expliquent à eux seuls presque la totalité de la variation totale (71,011 % d'inertie cumulée) ce qui témoigne de l'importance de la contribution de chaque variable.

Tableau 80 : Valeurs propres et la variabilité expliquée pour le cas «localités».

Axes	Axe 1	Axe 2	Axe 3
Valeur propre	12,466	8,006	4,382
Variabilité (%)	35,616	22,874	12,521
% cumulé	35,616	58,490	71,011

L'étude de la contribution de chaque variable permet d'hiérarchiser les caractères responsables de la formation de chaque axe. On note que les variables Alemlagh, Atlagh, Azerghaf, Hauteur à la poitrine (HP), Hauteur au Garrot (HG), Hauteur au Genou (Hge), Hauteur à la Bosse (Hbo), Hauteur au bassin (Hba), Hauteur à la croupe (HCr), Longueur du Tronc (LTr), Longueur de la tête (Lte), Longueur des oreilles (LO), Longueur du cou (Lco), Longueur à la charge (LCh), Longueur au tranchanter (LTra), Profondeur de poitrine (PP), Tour à la poitrine (TP), Tour à la bosse (Tbo), Tour au sternum (TSt), Tour au canon (TCa), Tour au coussinet (Tcou), Tour de bas ventre (TVB) et Poids (Pds) sont fortement liés à la formation de l'axe 1. Parallèlement, les variables Amelal, abahou, Atelagh, Alemlagh, Longueur de la queue (LQ), Longueur gigot (LGi), Distance entre deux trayons (DT), Distance diagonale entre deux trayons (DDT), (QL/j) Longueur à la charge (LCh), Tour à la bosse (Tbo), Tour de bas de ventre (TVB) sont liés à l'axe 2. On note une forte contribution de la Longueur de la tête, de la Longueur au Bassin (Lba), de la Longueur au cou (Lco), de la Profondeur de poitrine (PP) et du (Pds) pour l'axe 1. Par contre, les variables Abahou, Amelal, Longueur de la queue (LQ) et Longueur gigot (LGi) sont fortement liées à l'axe 2 (Tableau 80).

Pour le cas «global», la représentation graphique des variables sur les axes 1, 2 sur le cercle de corrélations correspond à la projection des variables initiales sur un plan à deux dimensions constitué par les deux facteurs (F 1 et F 2). Cette projection des points sur le cercle est relativement éloignée du centre ce qui démontre l'effet de la contribution des variables. Par contre, pour la projection d'individus, il apparaît qu'il existe une confusion et non discrimination de la structure de la population ce qui confirme l'étude de variabilité génétique sur les trois cas d'étude par «*racés*», par «*phénotypes*» et par «*localités*» (figure 28 et 29).

Pour le cas formulé par «*Races*», la représentation graphique des variables sur les axes 1-2 confirme ces contributions et constitue de bons plans de projection sur les axes 1-2 (100 %). Le cercle de corrélations correspond à la projection des variables initiales sur un plan à deux dimensions constitué par les deux uniques facteurs (F1 et F2). Cette projection des points sur le cercle est nettement éloignée du centre. Ceci montre que les résultats obtenus coïncident avec les résultats observés avec la matrice de corrélations. Toutes les variables sont très bien représentées sur le plan principal 1-2 (Figure 30).

En ce qui concerne la projection d'individus, le plan factoriel 1-2 montre la formation de 03 groupes principaux :

Le pôle 1 qui comporte les individus Mahri sur les ordonnées positives de l'axe 1 et 2 et qui regroupe les individus de la «race» **Mahri** représentée par les phénotypes Amellal et Abahou.

Le pôle 2 sur les ordonnées négatives de l'axe 1 et 2 et qui comporte la «race» **Azerghaf** représentée par le phénotype Azerghaf.

Le pôle 3 qui comporte des individus sur les abscisses négatives de la «race» **Marouki** représentée par les phénotypes Atlagh et Alemlagh (Figure 31).

Tableau 81 : Coordonnées des variables quantitatives (poids factoriel) basées sur les corrélations.

Cas formulé par « Races »

Variables	Axe 1	Axe 2
Amelal	-0,106	-0,994
Abahou	-0,106	-0,994
Atelagh	-0,808	0,589
Alemlagh	-0,812	0,583
Azerghaf	0,903	0,431
HP	0,747	-0,664
HG	0,927	-0,375
Hge	0,972	0,235
Hbo	0,810	0,586
Hba	0,988	0,155
HCr	0,996	-0,087
LCp	0,966	-0,258
LTr	0,835	-0,551
Lba	-0,709	-0,705
Lte	0,998	-0,070
LO	0,914	-0,406
Lco	0,997	-0,074
LQ	0,096	0,995
LGi	0,151	-0,988
LCh	0,638	-0,770
LTra	0,842	0,539
PP	0,996	0,086
Tbo	0,737	0,675
TP	0,898	0,441
TSt	0,926	0,379
Tca	0,596	0,803
Tcou	0,993	0,121
TVB	-0,808	-0,590
DT	-0,405	0,914
DDT	0,405	-0,914
QL/j	-0,405	0,914
Pds	0,999	-0,053

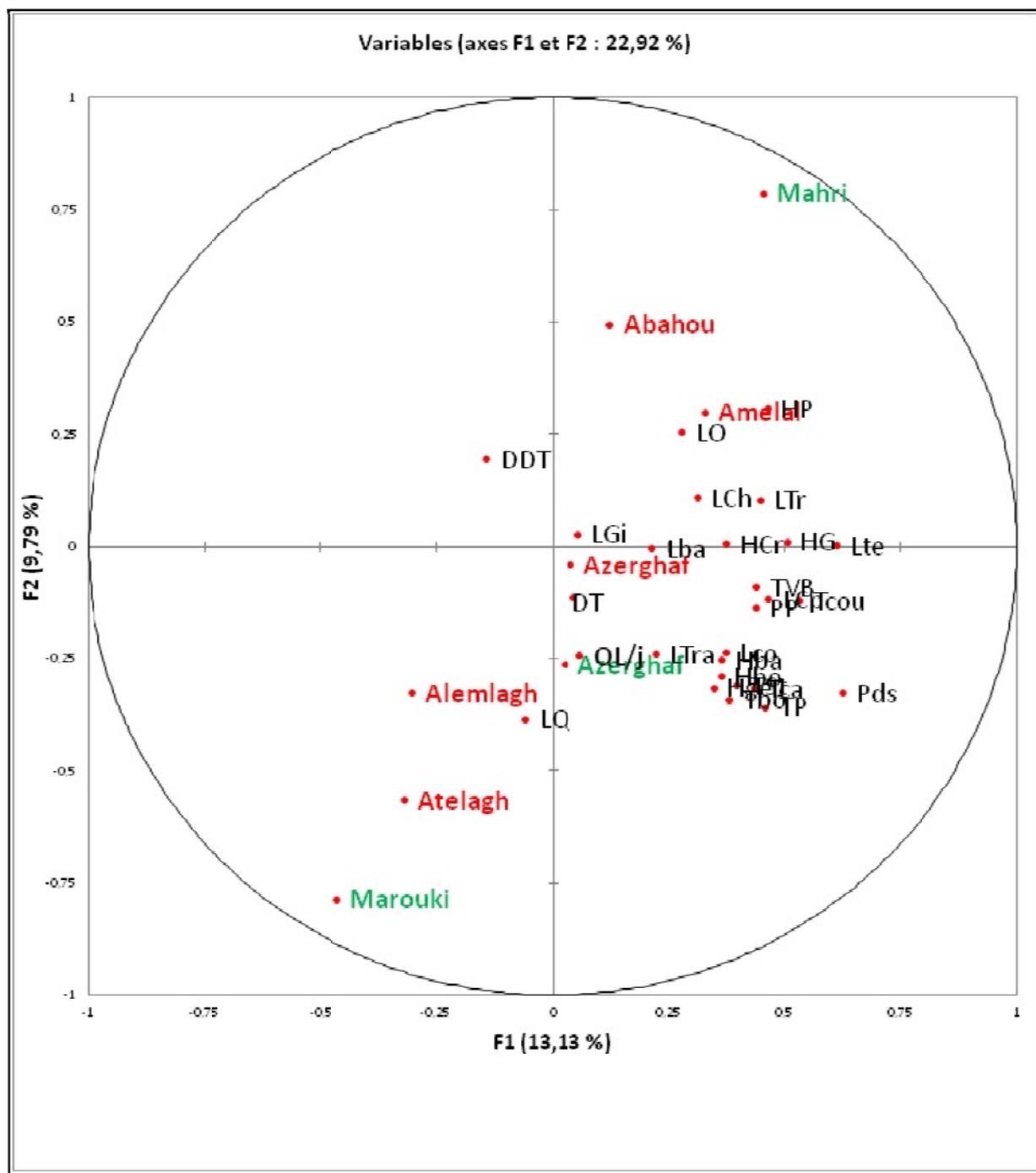


Figure 27 : Cercle de corrélation entre les caractères quantitatifs (cas global)

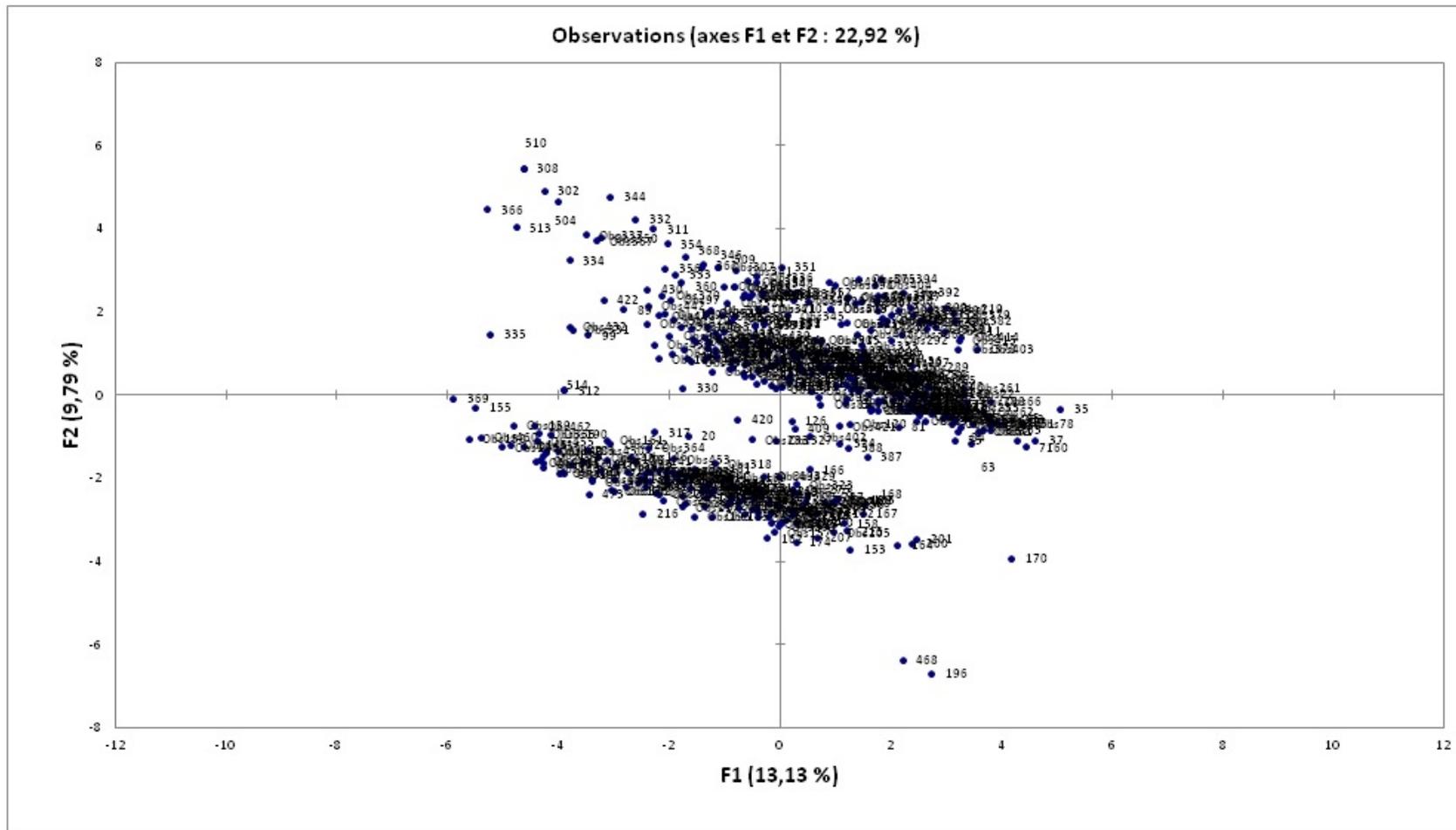


Figure 28 : Diagramme d'ordination dérivé de l'ACP sur le plan de projection des axes 1-2 (cas global).

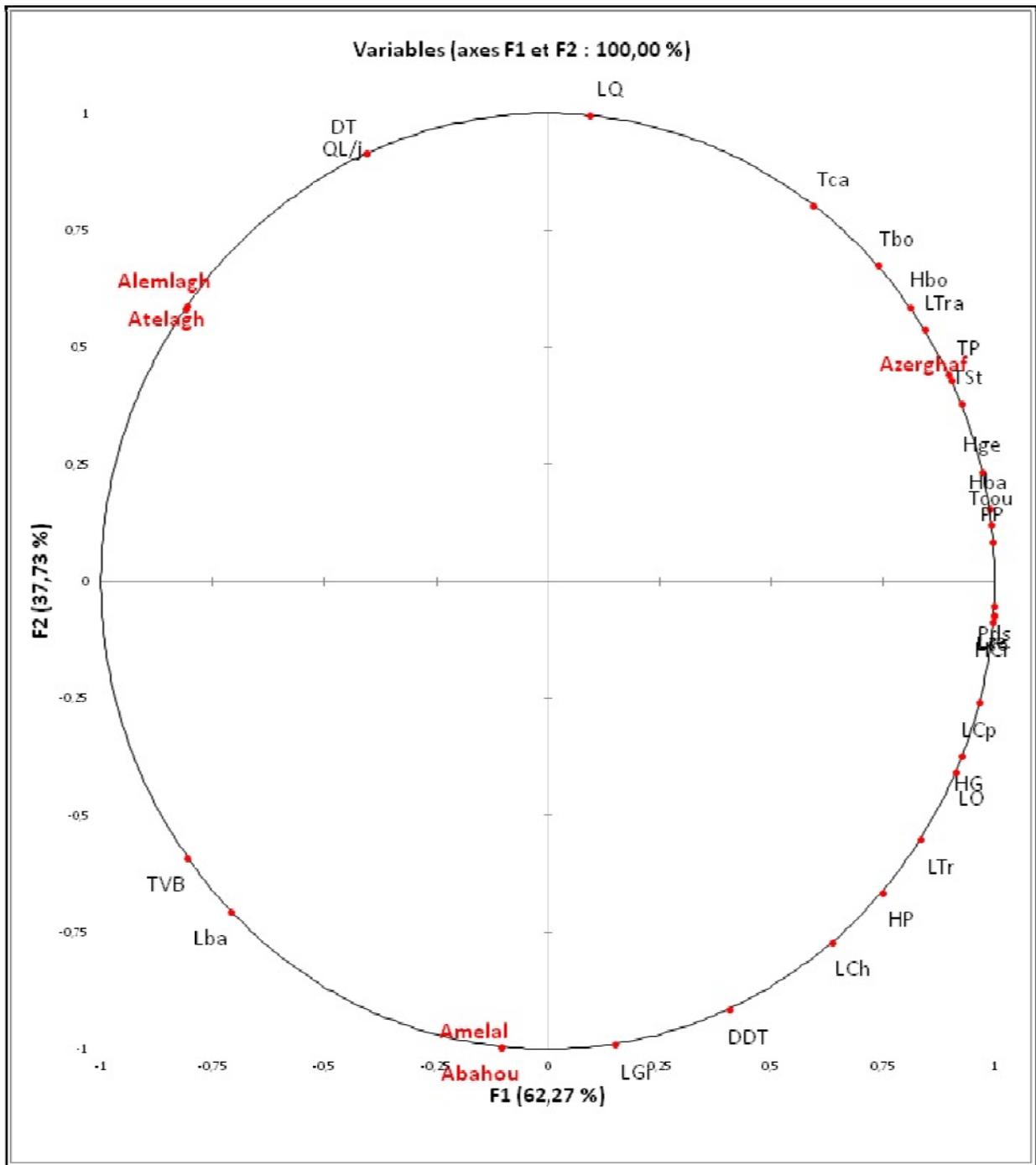


Figure 30 : Cercle de corrélation entre les caractères quantitatifs cas « races »

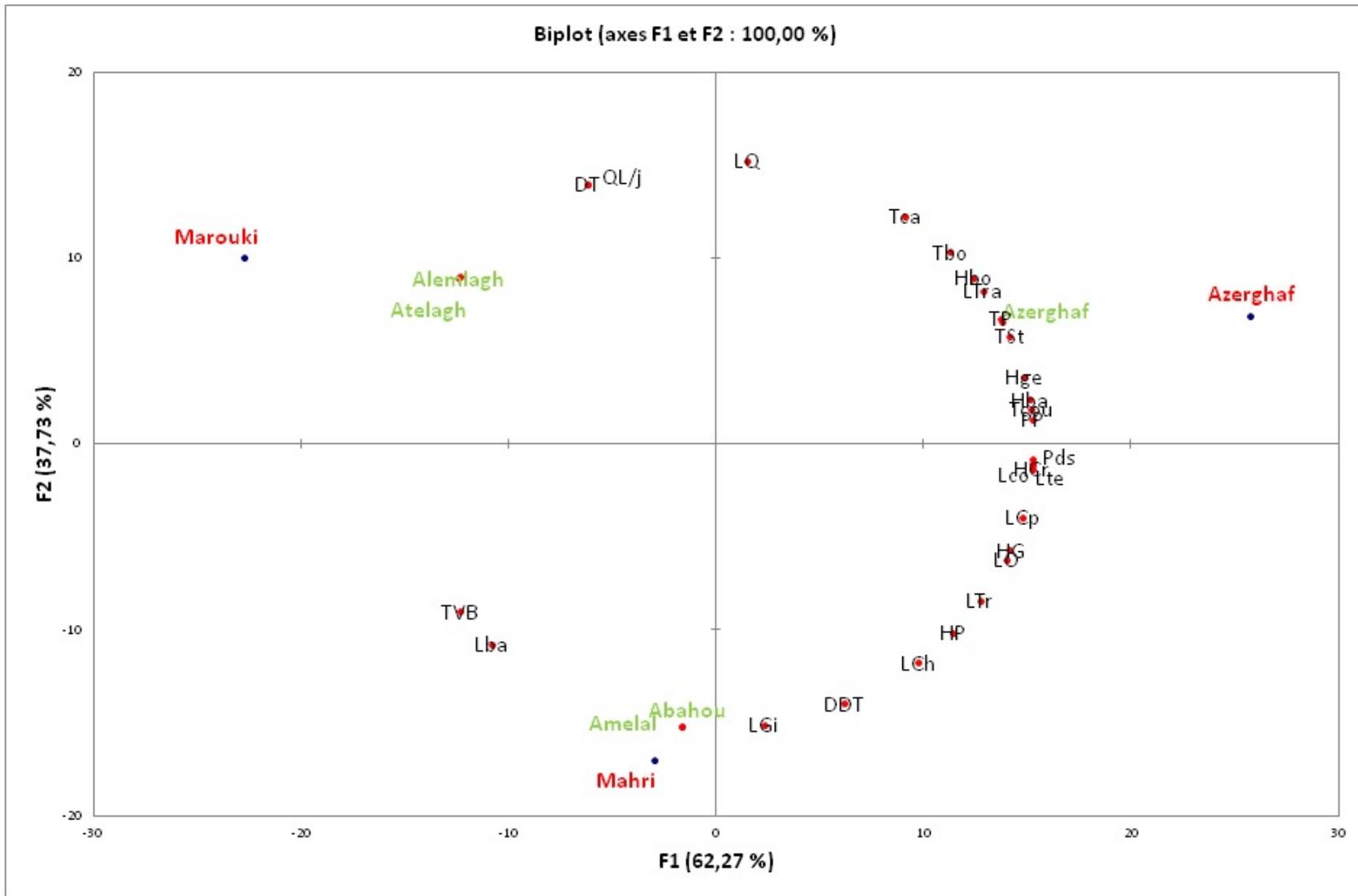


Figure 29 : Diagramme d'ordination dérivé de l'ACP sur le plan de projection des axes 1-2 cas «races».

Pour le cas formulé par «*phénotypes*», l'étude de la contribution de chaque variable permet d'hierarchiser les caractères responsables de la formation de chaque axe. La lecture du tableau 81 montre que la plupart des variables contribuent fortement à la formation de l'axe 1 contrairement à l'axe 2.

Le cercle de corrélations qui correspond à la projection des variables initiales sur le plan à deux dimensions constitué par les facteurs F1 et F2 (cumulant 80,49 % d'inertie) représente une bonne projection (Figure 32). Cette projection des points sur le cercle est relativement éloignée du centre pour certaines variables notamment Hauteur à la poitrine (HP), Hauteur au Garrot (HG), Hauteur au bassin (Hba), Longueur de la tête (Lte), Longueur du cou (Lco), Tour à la poitrine (TP), Tour au sternum (TSt) et Poids (Pds) qui sont corrélés positivement à F1, ce qui explique leurs fortes dépendances à cet axe. Par contre, l'axe 2 est clairement lié à la Longueur au bassin (Lba) et à la longueur de la queue (LQ), ce qui explique la contribution absolue de chaque variable pour l'explication des axes 1 et 2.

Une grande différenciation se distingue sur le plan factoriel 1-2 (Projection des variables). Il ressort que les paramètres liés aux femelles (DT, DDT, QL/j) se distinguent nettement et prennent des valeurs négatives et se lient à l'axe 1 et caractérisent la race Marouki.

La projection des individus sur le plan factoriel 1-2 (Figure 33) montre la formation de 3 pôles principaux :

Le pôle 1 : Il comporte les individus *Amellal et Abahou* sur les ordonnées positives de l'axe 1 et 2. Il est représenté par les variables Longueur au Bassin (Lba), Tour de bas de ventre (TVB), Longueur à la charge (LCh), Tour à la bosse (Tbo), Longueur du Corps (LCp), Longueur du Tronc (LTr), Poids (Pds), Profondeur de poitrine (PP), Tour au sternum (TSt), Tour au canon (TCa), Longueur du cou (Lco), Tour à la poitrine (TP), Hauteur à la poitrine (HP) et Hauteur au Garrot (HG).

Le pôle 2 : Les ordonnées positives de l'axe 1 et 2 comportent les individus *Azerghaf* qui sont représentés par les variables Longueur de Gigot (LGi), Longueur de la tête (Lte), Hauteur au bassin (Hba), Hauteur à la croupe (HCr), Tour au coussinet (Tcou), Hauteur à la Bosse (Hbo), Longueur au tranchanter (LTra), Longueur des oreilles (LO) et Longueur de la queue (LQ).

Le pôle 3 : Il comporte des individus *Alemagh et Atlagh* sur les abscisses négatives représentées par les variables femelles Distance entre les trayons (DT), Distance diagonale entre les trayons (DDT) et la quantité du lait (QL/j).

Tableau 82 : Coordonnées des variables quantitatives (poids factoriel) basées sur les Corrélations cas «phénotypes»

Variables	Axe 1	Axe 2	Axe 3	Axe 4
Azerghaf	0,856	0,124	0,019	0,000
Abahou	0,001	0,910	0,072	0,016
Amelal	0,063	0,165	0,577	0,195
Alemlagh	0,659	0,172	0,085	0,085
Atelagh	0,415	0,200	0,088	0,297
Hauteur a la poitrine (HP)	0,742	-0,657	-0,128	-0,052
Hauteur au Garrot (HG)	0,860	-0,477	0,151	-0,104
Hauteur au Genou (Hge)	0,959	0,271	-0,072	0,030
Hauteur à la Bosse (Hbo)	0,682	0,610	0,400	0,059
Hauteur au bassin (Hba)	0,948	0,227	-0,222	-0,008
Hauteur à la croupe (HCr)	0,962	-0,056	-0,259	0,061
Longueur du Corps (LCp)	0,750	-0,129	-0,564	0,320
Longueur du Tronc (LTr)	0,812	-0,409	-0,265	-0,321
Longueur au Bassin (Lba)	-0,480	-0,791	-0,371	0,073
Longueur de la tête (Lte)	0,968	-0,159	0,179	-0,072
Longueur des oreilles (LO)	0,819	-0,548	0,087	0,144
Longueur du cou (Lco)	0,931	0,030	-0,016	-0,362
Longueur de la queue (LQ)	-0,155	0,927	0,163	-0,302
Longueur de Gigot (LGi)	0,080	-0,886	0,447	0,097
Longueur à la charge (LCh)	0,589	-0,747	0,040	-0,306
Longueur au tranchanter (LTra)	0,820	0,504	0,179	0,203
Profondeur de poitrine (PP)	0,932	0,125	0,229	-0,252
Tour à la bosse (Tbo)	0,592	0,551	-0,459	0,367
Tour à la poitrine (TP)	0,766	0,532	0,323	-0,160
Tour au sternum (TSt)	0,708	0,595	-0,017	-0,381
Tour au canon (TCa)	0,367	-0,116	-0,465	0,798
Tour au coussinet (Tcou)	0,970	0,144	-0,183	0,069
Tour de bas de ventre (TVB)	-0,540	-0,082	-0,521	-0,656
Distance entre les trayons (DT)	-0,343	0,893	-0,279	0,081
Distance diagonale entre les trayons (DDT)	0,063	-0,651	0,735	0,178
Quantité du lait (QL/j)	-0,213	0,788	-0,440	-0,375
Poids (Pds)	0,967	-0,023	-0,252	0,028

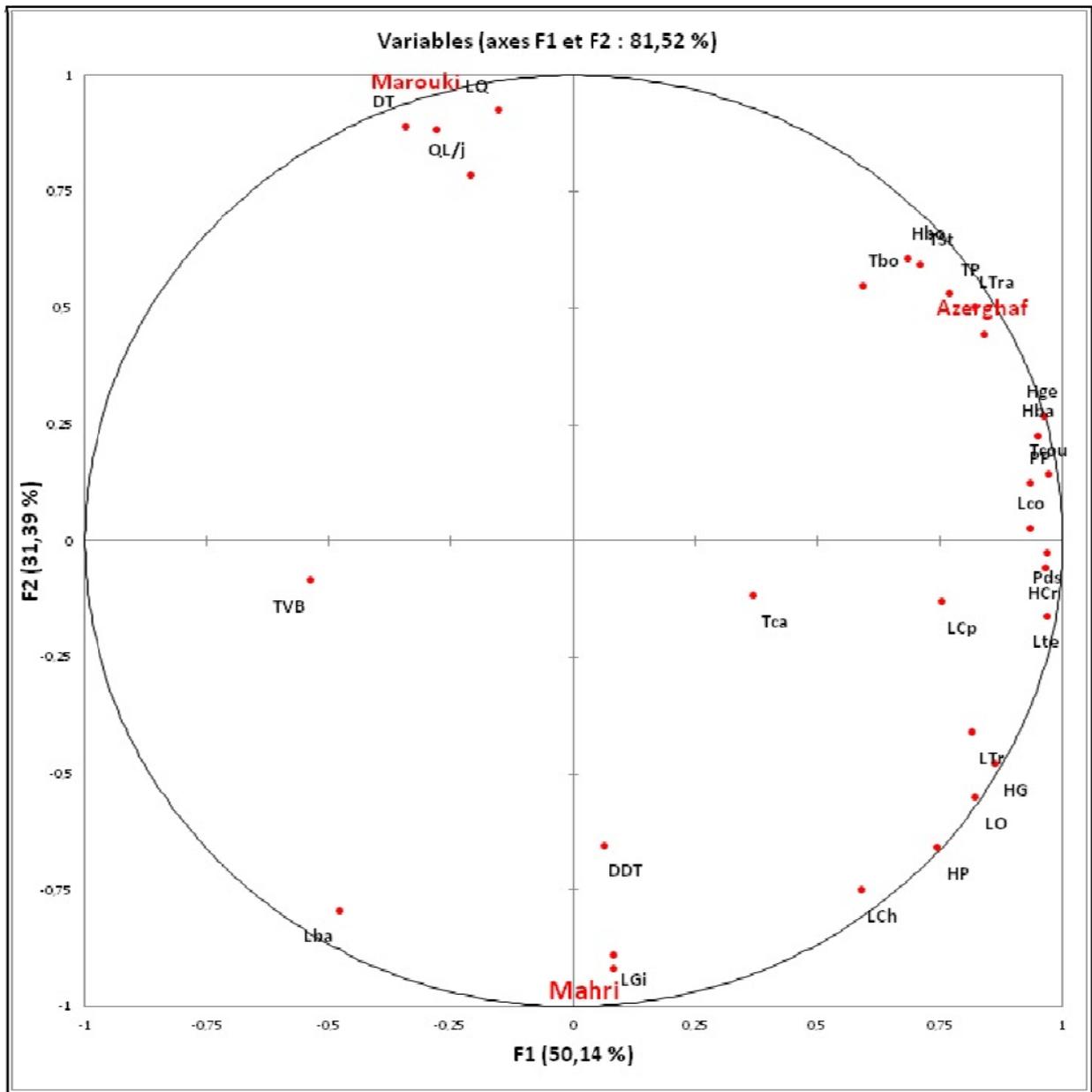


Figure 30 : Cercle de corrélation entre les caractères quantitatifs cas «*phénotypes*»

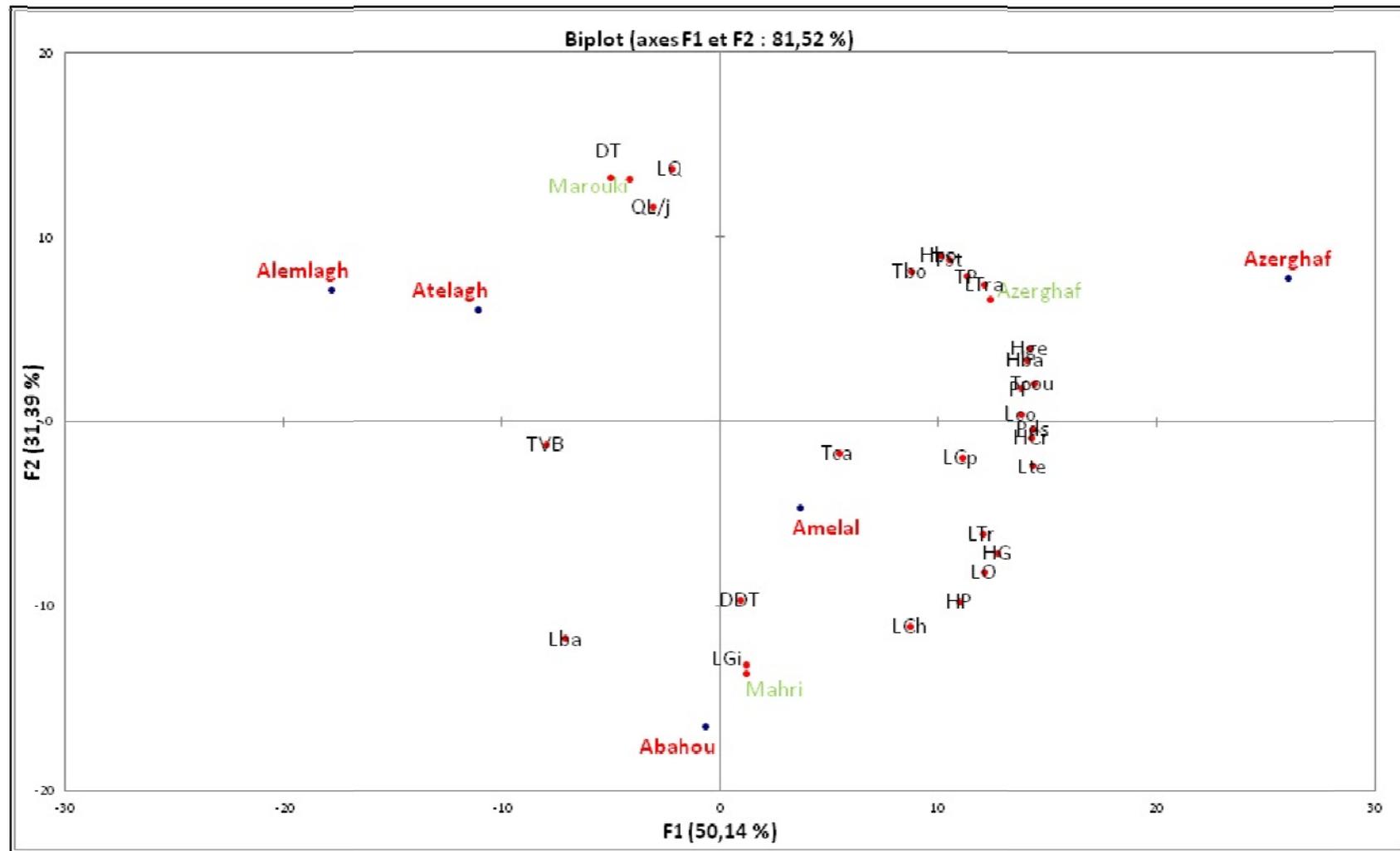


Figure 31 : Diagramme d'ordination dérivé de l'ACP sur le plan de projection des axes 1-2 cas « *phénotypes* »

Pour le cas formulé par «*localités*», l'étude de la contribution de chaque variable permet d'hierarchiser les caractères responsables de la formation de chaque axe. Le tableau 82 montre que la plupart des variables contribuent fortement à la formation de l'axe 1 contrairement à l'axe 2.

Le cercle de corrélations correspond à la projection des variables initiales sur le plan à deux dimensions constitué par les facteurs F1 et F2 (cumulant 64,734 % d'inertie) (Figure 34). Cette projection des points sur le cercle est relativement éloignée du centre pour certaines variables corrélées positivement dans l'axe 1 : Hauteur à la poitrine (HP), Hauteur au Garrot (HG), Hauteur au Genou (Hge), Hauteur au bassin (Hba), Hauteur à la croupe (HCr), Longueur du Tronc (LTr), Longueur du Corps (LCp), Longueur de la tête (Lte), Longueur de Gigot (LGi), Longueur à la charge (LCh), Profondeur de poitrine (PP), Tour à la bosse (Tbo), Tour à la poitrine (TP), Tour au sternum (TSt), Tour au coussinet (Tcou) et Poids (Pds). La Distance entre les trayons (DT), Distance diagonale entre les trayons (DDT) et la Quantité du lait (QL/j) sont corrélées négativement et expliquent l'axe 1. A l'opposé, pour l'axe 2, la Longueur des oreilles (LO) et la Longueur de la queue (LQ) sont positivement corrélées. Par contre, le Tour au canon (TC) est négativement corrélé. L'axe 3 explique la Longueur au tranchanter (LTra) et le Tour au canon (TCa) lesquels sont positivement corrélés.

Il apparaît ainsi qu'une grande différenciation se distingue sur le plan factoriel 1-2 (projection des variables) des paramètres liés aux femelles (DT, DDT, QL/j) qui sont liées à l'axe 1. Ces derniers se distinguent nettement et prennent des valeurs négatives.

La projection d'individus sur le plan factoriel 1-2 montre la formation de 3 groupes principaux (figure 35):

Le Pôle 1 : Il regroupe les localités d'*Izerzi, Hirafok et Izernene* représentées par le phénotype Azerghaf qui partage les mêmes caractéristiques sur le plan morphométrie.

Le pôle 2 : Il comprend les localités *Asskrem, In-Amguel, Abalessa* représentées par les phénotypes Amellal et Abahou qui partagent pratiquement les mêmes caractéristiques.

Le pôle 3 : Il englobe les localités *Tarahnent et Tin-Amzi* représentées par les phénotypes Alemlagh et Atlagh.

Cette forme de distribution autour d'un axe adjacent aux deux axes indique l'existence d'une forte corrélation entre les variables (Dervin, 1992) (annexe 5).

Tableau 83 : Coordonnées des variables quantitatives (poids factoriel), basées sur corrélations cas formulé par « localités »

Variables	Axe1	Axe 2	Axe3
Mahri	0,19	0,24	-0,13
Marouki	-0,18	-0,24	0,13
Azerghaf "R"	-0,21	0,07	-0,08
Azerghaf	-0,02	-0,19	0,16
Abahou	0,08	0,24	-0,26
Amelal	0,21	0,14	0,05
Alemlagh	-0,24	-0,12	-0,04
Atelagh	-0,12	-0,22	0,18
Hauteur à la poitrine (HP)	0,12	0,27	0,17
Hauteur au Garrot (HG)	0,21	0,07	-0,29
Hauteur au Genou (Hge)	0,22	-0,19	-0,06
Hauteur à la Bosse (Hbo)	0,15	-0,18	-0,16
Hauteur au bassin (Hba)	0,19	-0,24	-0,04
Hauteur à la croupe (HCr)	0,27	-0,04	-0,05
Longueur du Corps (LCp)	0,25	-0,15	-0,01
Longueur du Tronc (LTr)	0,21	0,12	0,15
Longueur au Bassin (Lba)	0,16	0,10	0,02
Longueur de la tête (Lte)	0,20	0,16	0,11
Longueur des oreilles (LO)	0,09	0,04	-0,06
Longueur du cou (Lco)	0,13	-0,23	-0,03
Longueur de la queue (LQ)	0,00	-0,11	0,13
Longueur de Gigot (LGi)	0,15	-0,01	0,28
Longueur à la charge (LCh)	0,19	0,14	0,10
Longueur au tranchanter (LTra)	0,03	-0,18	-0,01
Profondeur de poitrine (PP)	0,20	0,02	-0,11
Tour à la bosse (Tbo)	0,14	-0,26	-0,01
Tour à la poitrine (TP)	0,21	-0,21	0,02
Tour au sternum (TSt)	0,16	-0,27	-0,02
Tour au canon (TCa)	0,09	-0,26	-0,16
Tour au coussinet (Tcou)	0,21	0,08	0,22
Tour de bas de ventre (TVB)	0,15	0,13	0,18
Distance entre les trayons (DT)	-0,01	0,09	0,26
Distance diagonale entre les trayons (DDT)	-0,09	0,04	-0,38
Quantité du lait (QL/j)	0,02	-0,09	0,44
Poids (Pds)	0,24	-0,10	-0,11

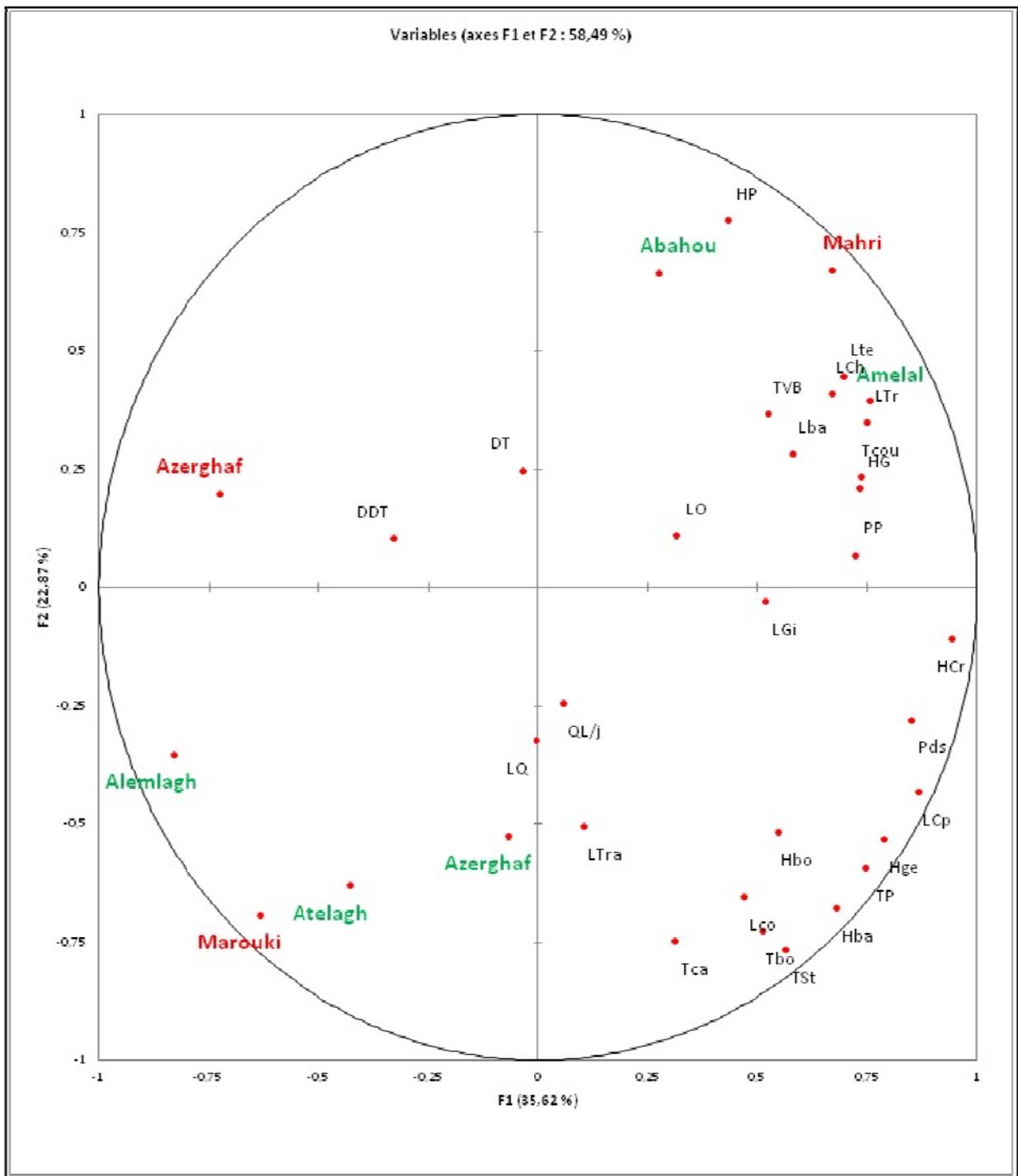


Figure 32 : Cercle de corrélation pour les caractères quantitatifs sur le plan des Axes F1-F2 cas «Localités»

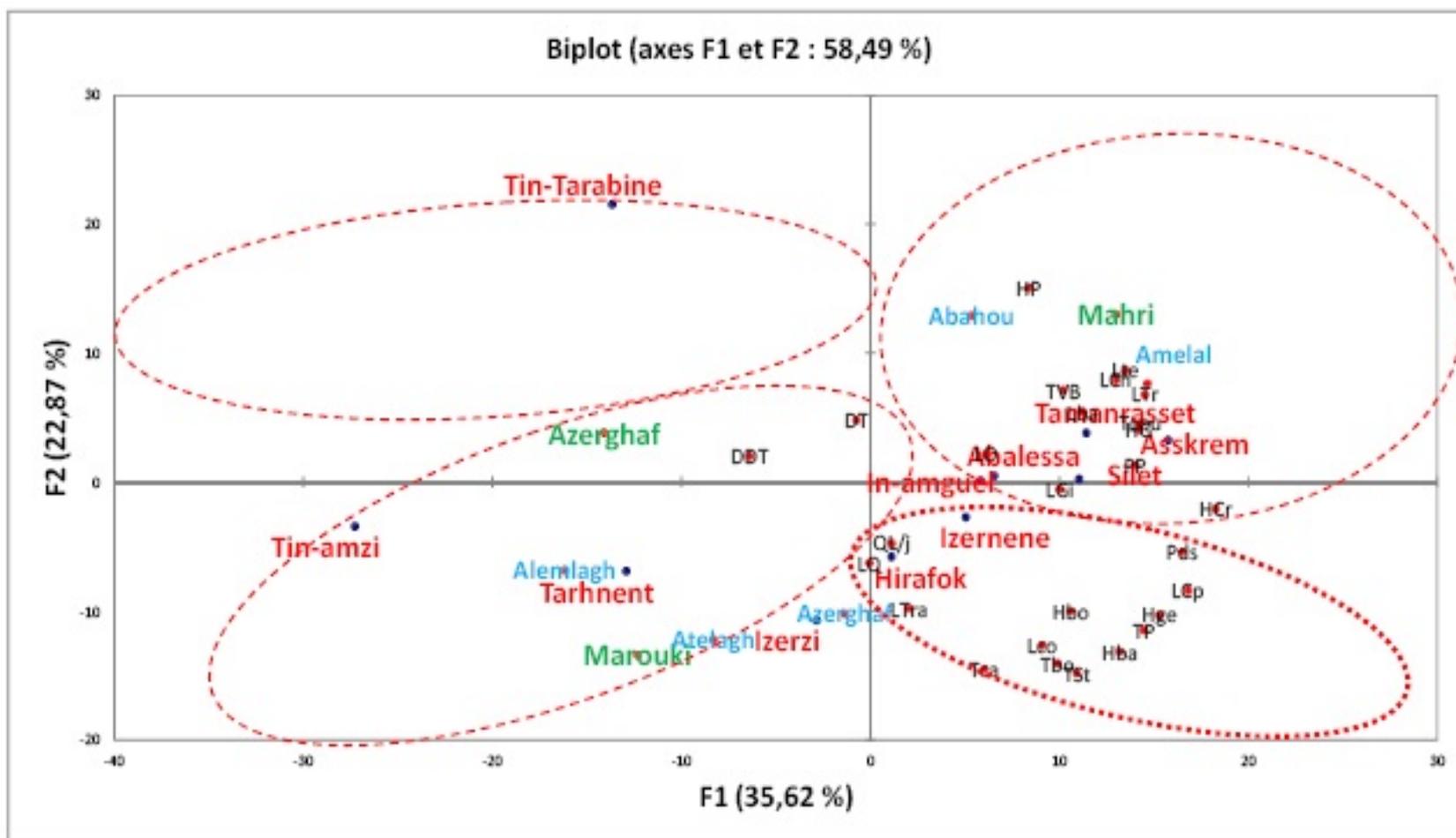


Figure 33 : Diagramme d'ordination dérivé de l'ACP sur le plan de projection des axes 1-2 cas «localités »

1.1.4.2. Classification Ascendante Hiérarchique (CAH)

Pour connaître les ressemblances et les dissemblances entre les individus de la population «Tergui», une Classification Ascendante Hiérarchique (CAH) a été utilisée. Cette classification se fait par dissimilarité en utilisant les distances Euclidiennes ou par similarité en utilisant la distance de Pearson.

1.1.4.2.1. Etude de dissimilarité

On classe les races, les phénotypes et les localités en fonction des variables quantitatives en utilisant la méthode de la distance Euclidienne avec le critère d'agrégation relatif aux centres d'inertie (méthode de Ward).

La classification par dissimilarité nous renseigne, en premier lieu, sur l'histogramme des niveaux de noeuds (Figure 36). On observe des sauts importants ce qui révèle l'existence d'une grande homogénéité de la structure au moment de l'agrégation. Le premier résultat récapitulant les différentes étapes de l'algorithme est le diagramme des niveaux des noeuds, sa forme donne des informations sur la structure des données et lorsque des sauts importants sont observés, on a une agrégation de structures homogènes.

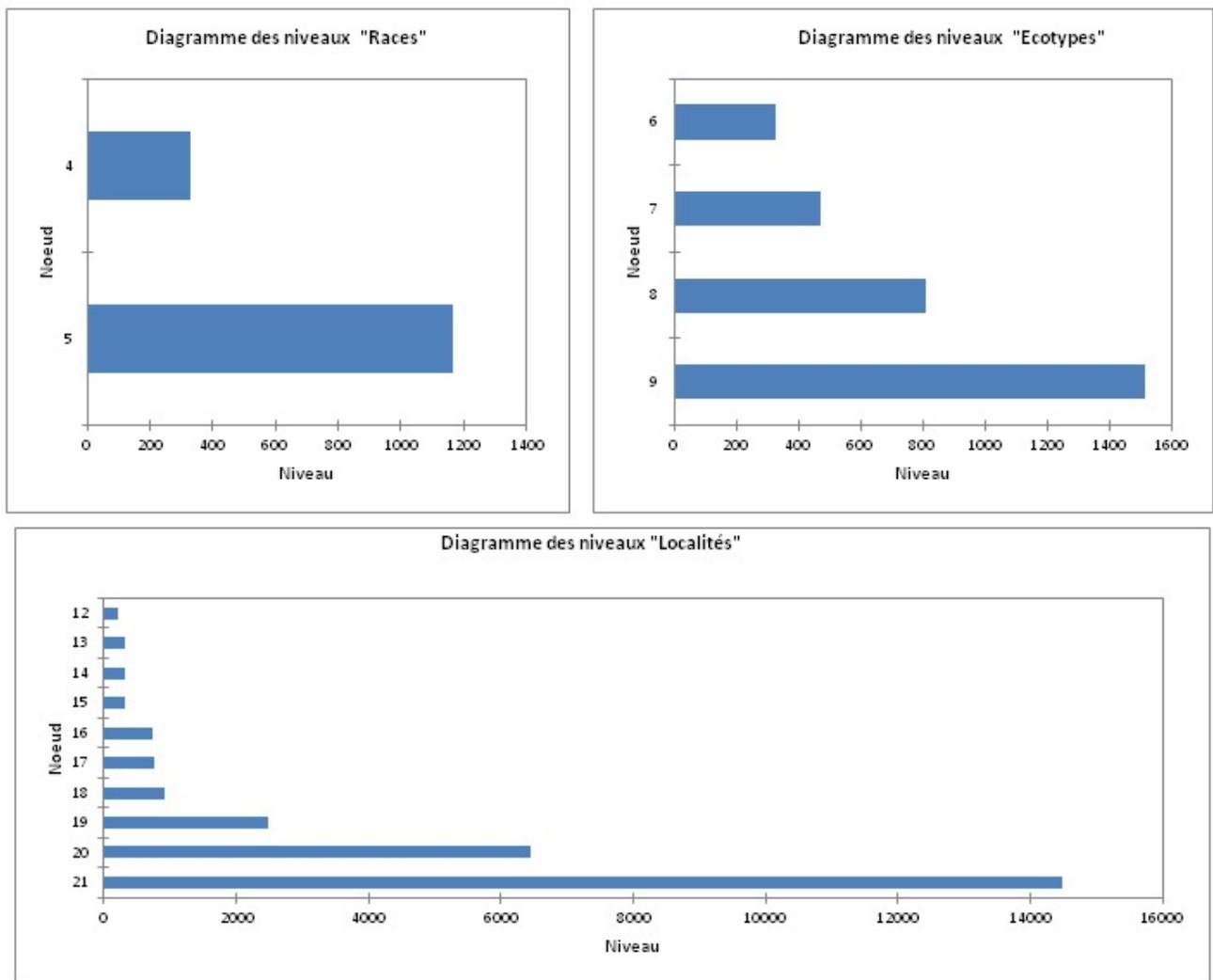


Figure 34 : Diagramme des niveaux pour les cas « races », « écotypes » et « localités »

Le cas global (figure 37), le dendrogramme représente de manière claire la façon dont l'algorithme procède pour regrouper les individus en groupe puis les sous-groupes (phénotypes). Au final, l'algorithme a progressivement regroupé tous les individus. La ligne en pointillé représente la troncature et permet de visualiser que cinq groupes homogènes ont été identifiés. Le premier et le deuxième groupe sont plus homogènes que le troisième, quatrième et cinquième groupe (le dendrogramme est plus plat pour les premiers groupes). Le premier, le deuxième et le troisième groupe forment un seul groupe. Par contre, le quatrième et cinquième forment deux groupes différents. Cette structuration composée de classes avec un profil des classes au nombre de 3, dont le regroupement minimise le critère d'agrégation (figure 37 et 38). Pour le cas formulé par «**Races**», la sélection de la troncature a abouti à l'obtention de 2 classes ; les individus centraux étant les races **Mahri** et **Azerghaf** (Tableau 83).

Tableau 84 : Composition des classes pour le cas formulées par «races»

classes	Classe 1	Classe 2
Effectifs	2	1
	Mahri	Azerghaf
	Marouki	

Pour le cas formulé par **«phénotypes»**, il y a formation de 03 classes homogènes, et que les individus centraux et sont représentées par les phénotypes **Azerghaf, Alemlagh et Abahou** (Tableau 84).

Tableau 85 : Composition des classes pour le cas formulées par «phénotypes »

classes	Classe 1	Classe 2	Classe 3
Effectifs	1	2	2
	Azerghaf	Alemlagh	Abahou
		Atlagh	Amelal

Et pour le cas formulé par **«localités»**, on note la formation de 03 classes. Les régions centrales sont de la localité d'abalessa, d'Izerzi et de Tin-Tarabine (Tableau 85).

Tableau 86 : Composition des classes formulées pour le cas formulé par «Localités»

Classes	Classe 1	Classe 2	Classe 3
Effectifs	7	3	1
	Abalessa	Izerzi	Tin-Tarabine
	Asskrem	Tarhnent	
	Hirafok	Tin-amzi	
	In-amguel		
	Izernene		
	Silet		
	Tamanrasset		

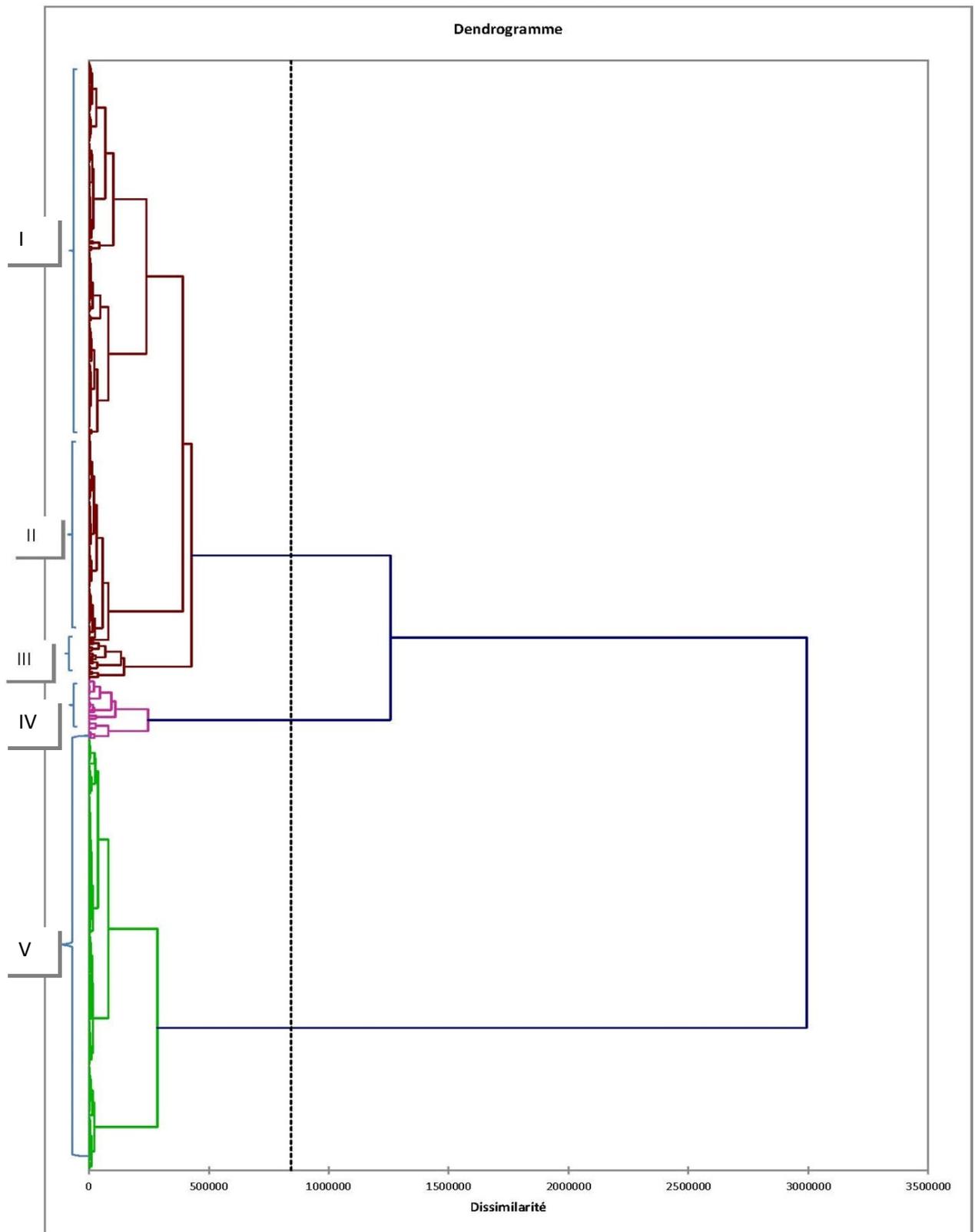


Figure 35 : Dendrogramme de classification par dissimilarité (cas global).

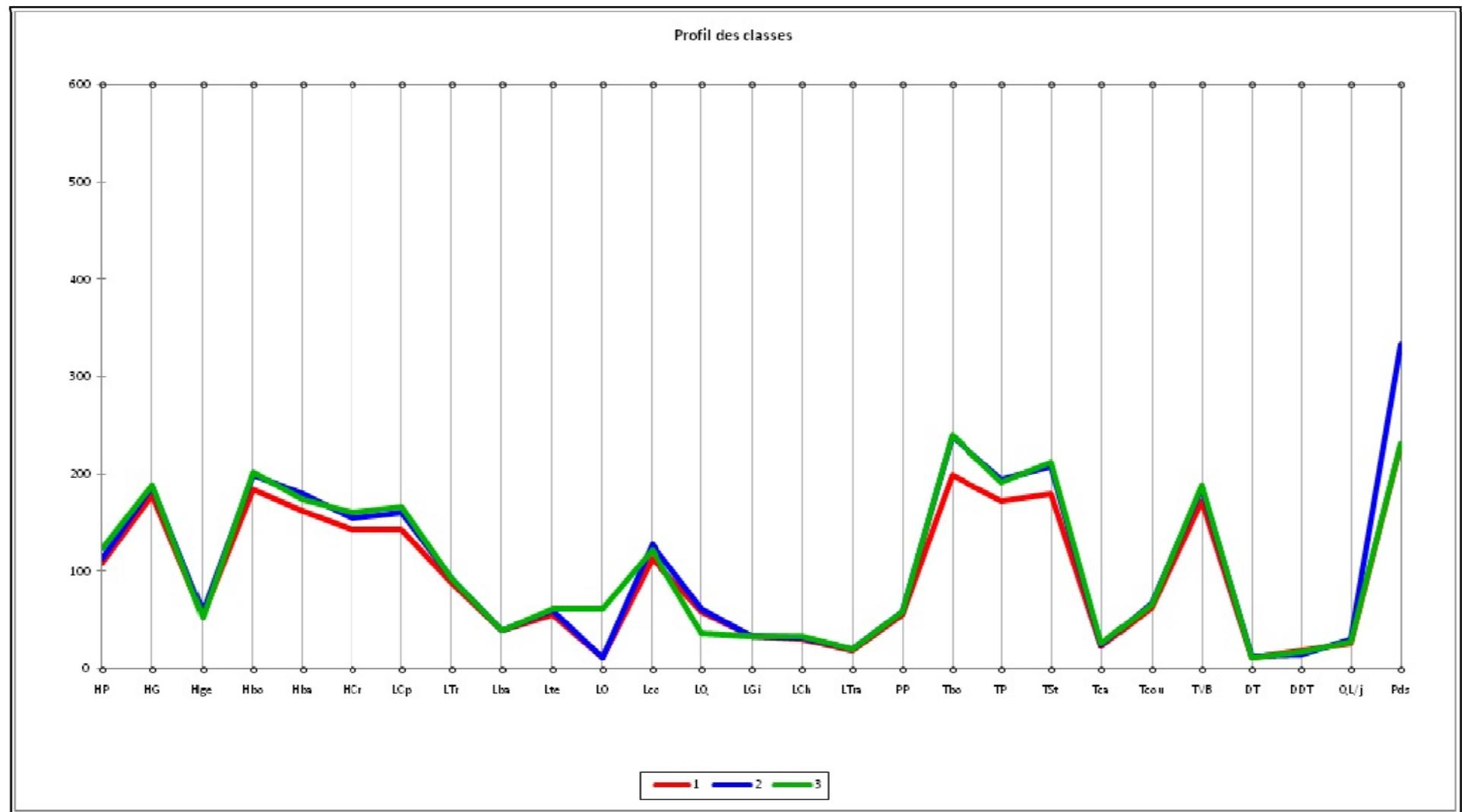


Figure 36 : Diagramme des profils des classes en relation avec les individus pour le cas formulé «global»

Le tableau 86 montre les nœuds formés dans les 3 «*racés*» prospectées. Le premier est formé d'*Azzerghaf* (nœud 5) et le deuxième de *Mahri* et *Marouki* (nœud 4), ce qui démontre une structure des trois «*racés*» prospectées avec un proche lien de *Mahri* et le *Marouki* (Figure 39).

Tableau 87 : Description du dendrogramme cas formulé par «*Races*»

Noeud	Niveau	Poids	Objets	Fils gauche	Fils droit
5	1164,492	3	3	1	4
4	327,147	2	2	2	3

Le tableau 87 montre les nœuds formés pour les 5 «*phénotypes*» prospectés ; le premier est formé d'*Atelagh* et *Amelal* (nœud 6), le deuxième d'*Abahou* et *Alemlagh* (nœud 7) et le troisième par *Azerghaf* (nœud 8). On remarque une structuration indiquant un très grand lien entre les phénotypes *Amelal* et *Atelagh* (Figure 40).

Tableau 88 : Description du dendrogramme cas formulé par «*phénotypes*»

Nœud	Niveau	Poids	Objets	Fils gauche	Fils droit
9	1513,706	5	5	8	5
8	808,315	4	4	2	7
7	473,100	3	3	1	6
6	325,178	2	2	3	4

Le tableau 88 montre les nœuds formés dans les 10 localités prospectées ; le premier est formé d'*Abalessa* et *Silet* (nœud 11), jusqu'au dernier nœud (nœud 19), formant ainsi, une structuration en 3 groupes des différentes localités prospectées (Figure 41).

Tableau 89 : Description du dendrogramme cas formulé par «*Localités*».

Nœud	Niveau	Poids	Objets	Fils gauche	Fils droit
21	14487,272	11	11	19	20
20	6441,664	4	4	17	11
19	2473,315	7	7	16	18
18	914,657	3	3	13	8
17	767,203	3	3	6	14
16	745,649	4	4	15	12
15	320,622	2	2	2	4
14	319,658	2	2	9	10
13	304,97	2	2	3	5
12	206,246	2	2	1	7

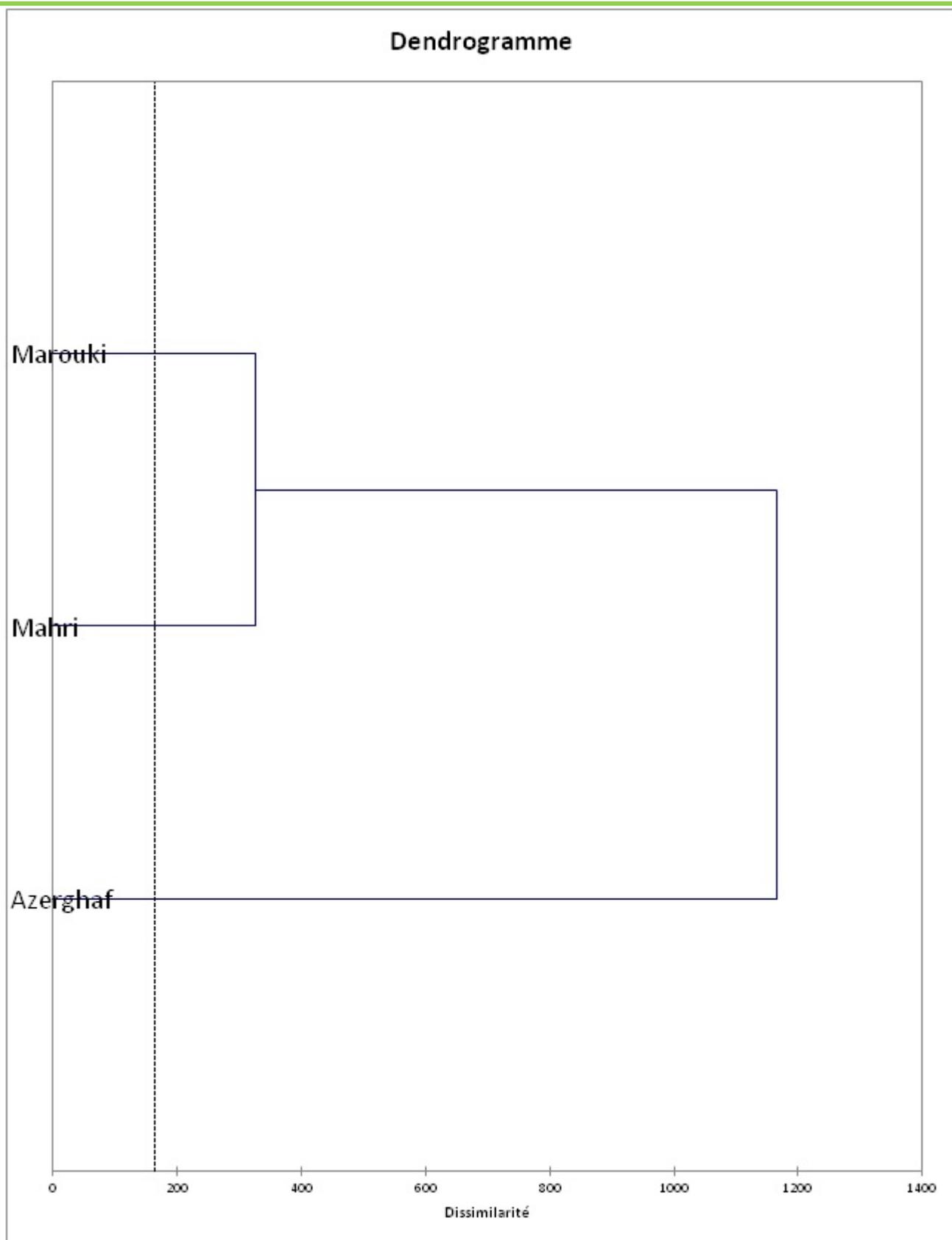


Figure 37 : Dendrogramme de classification par dissimilarité cas formulés par "races"

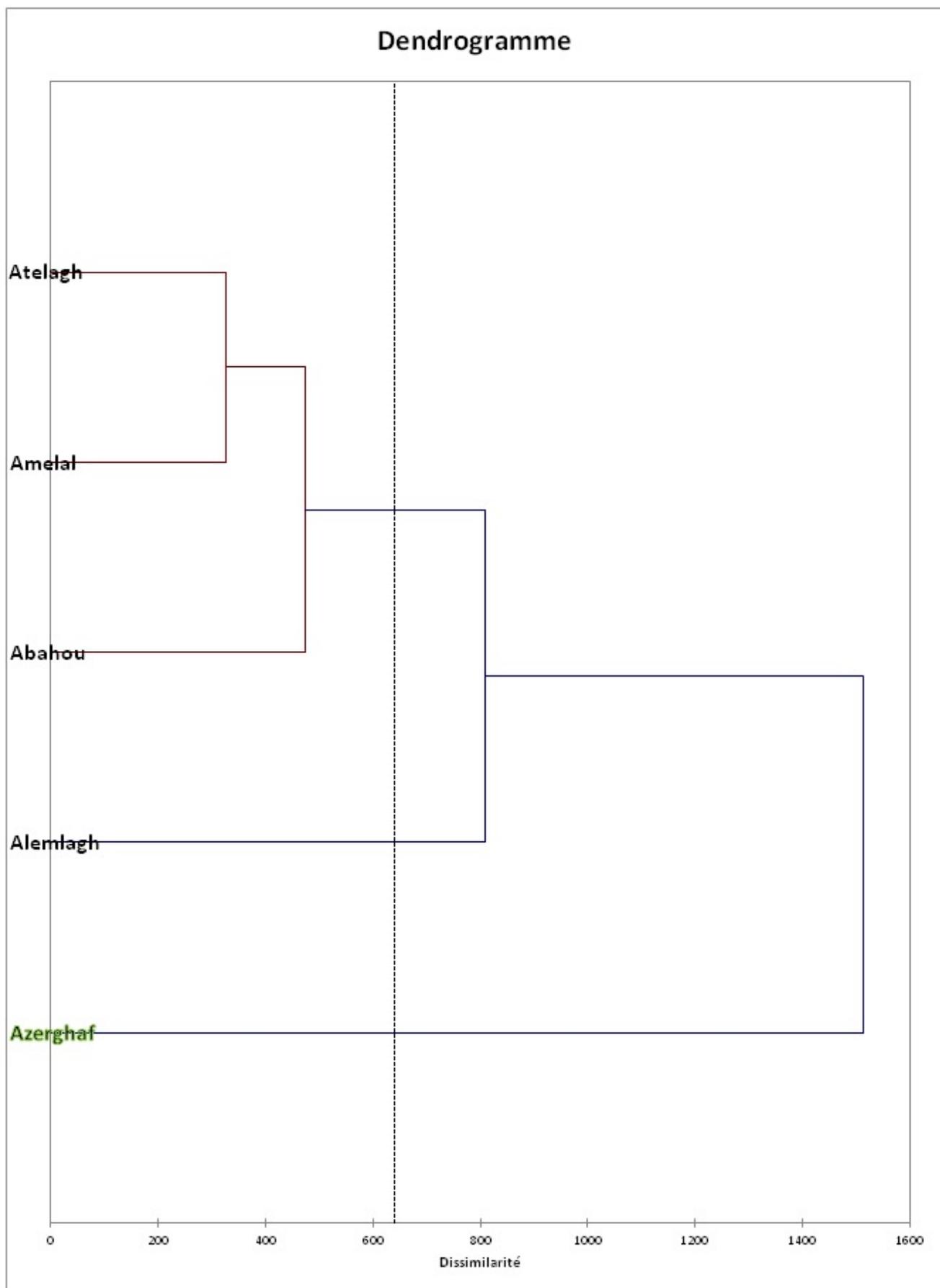


Figure 38 : Dendrogramme de classification par dissimilarité pour. Cas formulé par «phénotypes»

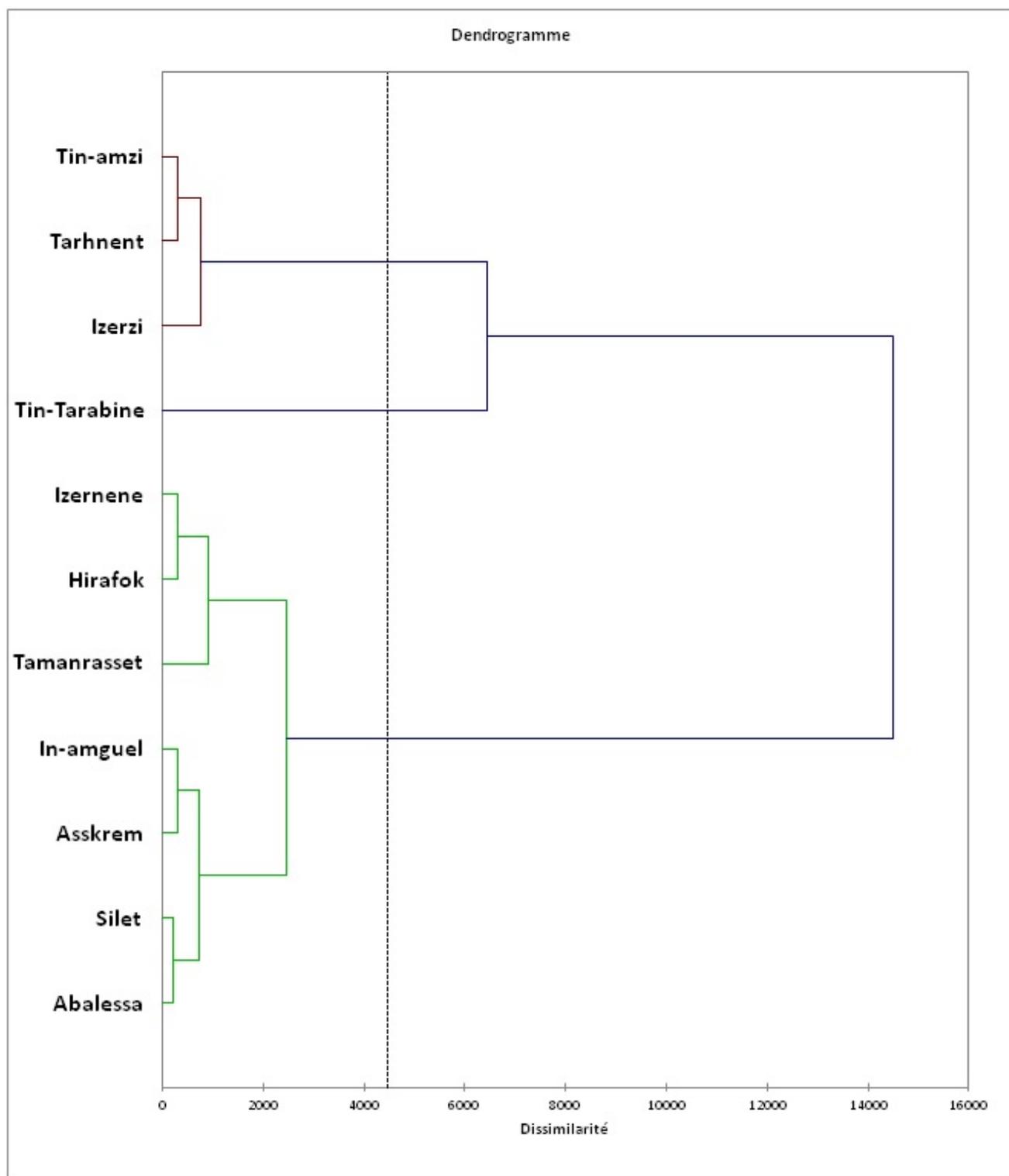


Figure 39 : Dendrogramme de classification par dissimilarité. Cas formulé par «localités»

La représentation des dendrogrammes montre que les plus importantes classes sont la classe 1 pour le cas formulé par «*races*» qui regroupe 02 «*races*», la classe 2 pour le cas formulé par «*phénotypes*» qui regroupe 02 phénotypes et la classe 2 qui regroupe 3 «*localités* ».

Les résultats obtenus par similarité sont semblables à ceux obtenus par dissimilarité. De ce fait, ce sont ces derniers qui seront pris en compte pour l'interprétation de nos résultats en raison de leurs concordances avec ceux de l'ACP.

Les résultats obtenus permettent de confirmer l'existence d'une importante diversité génétique sur le plan phénotypique. La variation se présente pour l'ensemble des caractères étudiés sous forme de gamme continue de phénotypes plutôt que d'une série de classes phénotypiques distinctes ; la variation est donc quantitative et qualitative. De même, ces résultats renseignent amplement sur la structuration de la population cameline «Tergui» qui se compose de trois sous populations «rameau»: **Mahri** (66,731 %), **Marouki** (30,385%) et **Azerghaf** (2,885%) lesquelles sont à leur tour subdivisées en phénotypes (écotypes) composés de : Amelal, Abahou représentant la «*race* » Mahri, Atelagh et Alemlagh représentant le Marouki et finalement l'Azerghaf représentant la «*race*» Azerghaf. Ces observations sont confirmées par l'ACP et la CAH est corroborent par ailleurs, les résultats enregistrés par Longo-Hammouda *et al.* (2011) et Harek (2008).

La couleur reste un critère très important pour l'identification des phénotypes qui présentent une gamme variée. La couleur blanche est la plus fréquente au sein des cinq phénotypes étudiés avec une valeur de 70 % pour Amelal, Abahou et Azerghaf. Par contre, un mélange de couleur basé sur le blanc et le noir avec un taux de 30 % est noté pour les phénotypes Atelagh et Alemlagh. Les descripteurs standardisés pour les différents phénotypes «*races*» s'avèrent des indicateurs et des variables discriminantes pour la caractérisation des camelidées. L'écotype Amelal se caractérise par une HP ($114,04 \pm 6,71$ cm), une LTr ($157,23 \pm 10,19$ cm), un Tbo ($226,15 \pm 19,12$ cm) et un TVB ($181,98 \pm 4,45$ cm) très élevés. Il apparaît par ailleurs que l'écotype Abahou présente des points communs avec le phénotype «**Amelal**». Ainsi, celui-ci ne se différencie pas seulement par certaines variables avec des valeurs supérieures, mais se caractérise aussi par une HG ($187,30 \pm 9,96$ cm), une LCp ($151,84 \pm 10,12$ cm), une Lco ($120,84 \pm 8,41$ cm), une LCh ($31,78 \pm 3,51$ cm), une PP ($57,04 \pm 3,66$ cm), une TSt ($192,70 \pm 13,34$ cm), un Tca ($24,19 \pm 2,86$ cm) et un poids très élevé ($278,48 \pm 61,27$ cm). C'est cette dernière variable qui rend la «*race*» Abahou très appréciée sur le plan bouchère par les éleveurs de la région.

La race **Marouki** se distingue nettement de la «*race*» Mahri notamment par les variables liées à la femelle DT ($13,70 \pm 0,81$ cm), DDT ($15,06 \pm 3,80$ cm), QL/j ($31,64 \pm 1,15$ cm) ce qui permet de conclure que ce sont des «*races*» productrices de lait.

Enfin, la race **Azerghaf** qui se compose du phénotype **Azerghaf (Pie tachetée)** ne se différencie pas de la population Mahri sauf pour sa couleur qui reste un repère très déterminant. Elle présente des valeurs assez élevées comparativement aux races Mahri et Marouki, notamment pour les variables Hbo ($203,8 \pm 9,53$ cm), Hba ($179,37 \pm 6,98$ cm), HCr ($157,80 \pm 5,69$ cm), Lte ($60,73 \pm 4,55$ cm), LO ($18,66 \pm 1,50$ cm), LQ ($59,87 \pm 6,66$ cm), LTra ($20,93 \pm 2,86$ cm), et Tcou ($66,80 \pm 2,12$ cm).

2. Résultats d'analyse de génotypage des microsatellites

L'étude porte sur un panel de 20 marqueurs microsatellites étudiés sur des individus échantillonnés et représentatifs de cette population dans la région du Hoggar.

2.1. Equilibre de Hardy Weinberg

L'estimation de l'équilibre de Hardy Weinberg pour chaque locus dans les cinq phénotypes a été déterminé d'après la comparaison des valeurs de la probabilité non biaisée P avec la valeur alpha après la correction de Bonferroni séquentielle (P -value inférieures à $\alpha = 0.0025$) en utilisant le logiciel *GENEPOP 4.0* (Raymond et Rousset, 1995). Deux tests ont été réalisés : le premier est un test d'excès d'hétérozygotes alors que le deuxième est un test de déficit en hétérozygotes. Les phénotypes qui ne présentent ni un excès ni un déficit en hétérozygotes sont considérés en équilibre de Hardy-Weinberg.

Dans notre étude, l'écart significatif ($P < 0,05$) a été observé pour des combinaisons 40 sur 100 (20 loci dans cinq phénotypes) et l'équilibre de Hardy Weinberg a été vérifié à différents niveaux: *i*) par locus pour l'ensemble de la population et *ii*) par locus pour chaque phénotype.

Les résultats de ces tests montrent la présence d'un déséquilibre de Hardy Weinberg qui est dû à un déficit en hétérozygotes. Cependant, l'analyse de la déficience hétérozygote a révélé que tous les cinq phénotypes exposent un écart significatif par rapport HWE ($P < 0,05$) à plusieurs loci. A ce titre, Abahou a montré le nombre maximum de loci en déséquilibre (11 loci), suivi par Atelagh et Azerghaf (6 loci) (Tableau 89).

i) A l'échelle du test global, les résultats indiquent que cinq phénotypes présentent un déficit en hétérozygotes dont les valeurs de P sont largement inférieures à $\alpha (0,05)$ et cela même après correction de Bonferroni $\alpha = 0,0025$. Parmi ces phénotypes, Abahou présente le plus faible nombre de marqueurs en déficit (CMS9, VOLP10 et CMS32). Par contre, les phénotypes Atelagh et Azerghaf présentent le plus de marqueurs en déficit (CVRL5D, CVRL6D, CMS18, CMS50 et CMS13). Le phénotype Amelal est la seule population qui ne présente ni excès ni déficit en hétérozygotes en prenant en considération l'ensemble des 20 microsatellites. C'est le seul phénotype en équilibre pour les marqueurs analysés.

ii) L'analyse des résultats du test de chaque phénotype pour chaque marqueur montre que les 6 loci (CVRL4D, YWLL59, VOLP10, CVRL7, CMS32 et CMS9) présentent un écart significatif à l'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW); les marqueurs CMS9, VOLP10 et CVRL4D dévient significativement de cet équilibre pour la majorité des phénotypes de la population (Tableau 89).

Tableau 90 : Déséquilibre de Hardy-Weinberg des microsatellites ($p < 0.05$) pour les phénotypes étudiés.

Locus ID	P-value
CVRL4D	0.009
CVRL5D	0.355
CMS121	0.947
CVRL6D	0.217
LCA66	0.269
CVRL1D	0.024
YWLL44	0.389
YWLL59	0.010
CMS50	0.133
CVRL8	0.381
CMS9	0.000
VOLP10	0.001
CVRL7	0.014
CMS25	0.993
CMS15	0.545
CMS18	0.236
CMS32	0.002
CMS13	0.176
VOLP32	1.000

CMS17 qui était monomorphe (167 pb) dans tous les écotypes a été exclu des analyses statistiques

L'existence d'un tel déficit en hétérozygotes peut s'expliquer par de nombreux facteurs. Il est possible que le mode d'union des reproducteurs ne soit pas panmictique (unions entre apparentés, sélection des reproducteurs selon un mode homogame). La population peut être aussi 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). Une mutation dans les séquences flanquâtes du microsatellite pourrait empêcher la Taq polymérase d'amplifier l'ADN entraînant la présence d'allèles nuls (Laliberté, 1998).

2.2. Déséquilibre de liaison

Dans notre étude, nous avons analysé le déséquilibre de liaison entre les paires de marqueurs à deux niveaux : *i*) à l'échelle des cinq phénotypes étudiées et *ii*) à l'échelle globale de la population (on considère toute la population comme une seule «race»).

L'analyse du déséquilibre d'association à l'échelle des cinq phénotypes étudiés (Abahou, Amelal, Azerghaf, Atelagh et Alemlagh) a révélé un nombre de 46 cas de déséquilibre d'association parmi les 100 combinaisons possibles entre les 20 microsatellites utilisés.

Les résultats de ce test montrent que le phénotype qui présente le plus de locus en déséquilibre d'association (P value < 0,05) est le phénotype Abahou avec un nombre de 45 cas de déséquilibres d'associations. Le phénotype Azerghaf présente un seul cas de déséquilibre d'associations entre les deux paires de locus CVRL1D, VOLP10, VOLP10 et CMS9. Pour les autres phénotypes, aucun déséquilibre d'association n'a été trouvé entre les marqueurs.

A l'échelle du test global où l'ensemble des phénotypes sont considérés comme une seule population, 28 cas de déséquilibres d'association ont été identifiés (P value < 0,05).

Le fait de trouver des déséquilibres d'association qui diffère d'un phénotype à un autre permet de tirer les remarques suivantes:

Ce déséquilibre de liaison ne peut pas être dû à une liaison physique entre loci (la majorité des microsatellites en déséquilibre de liaison cartographiés sur des chromosomes différents), ni par des systèmes d'élevages spécifiques à chaque phénotype. En effet, le système d'élevage dans la région est presque le même pour tous les phénotypes étudiés, alors que seulement le phénotype Abahou présente un taux élevé de déséquilibre de liaison du fait que celui ci présente des avantages sur le plan bouchère.

Le phénotype Atlegh est un animal composite (hybride) issu des croisements consanguins, ce qui explique le taux élevé de déséquilibre de liaison chez ce phénotype (écotype).

2.3. Variabilité génétique intra-population

Pour décrire la diversité génétique intra-population, nous avons calculé cinq paramètres. Ils sont estimés pour chaque locus et la moyenne est prise sur tous les loci à l'aide du logiciel *GENETIX 4.04* (Belkhir *et al.*, 2002). L'amplification par PCR a été réalisée en utilisant les 20 amorces microsatellites déjà énumérés. A l'exception du microsatellite CMS17 qui demeure monomorphe, et a été exclu des analyses statistiques, tous les autres microsatellites loci ont été amplifiés avec succès (polymorphe) sur tous les phénotypes de la population «Tergui».

2.3.1. Fréquences allélique

La composition allélique et les distributions des fréquences alléliques observées pour chaque locus dans les cinq phénotypes étudiées ont été calculées par le logiciel *GENETIX 4.04* (Belkhir *et al.*, 2002). L'analyse de ces fréquences conduit aux observations suivantes :

Au sein d'un même marqueur, les fréquences des différents allèles sont très variables d'un phénotype à l'autre. C'est le cas des marqueurs CVRL1D, CMS50, VOLP10, CVRL7, CMS15 qui sont présents avec une forte fréquence au niveau de tous les phénotypes (fréquence supérieure à 42%). En revanche, les marqueurs CVRL6D, YWLL59, CMS18 et VOLP32 sont faiblement représentés (fréquence inférieure à 3%) dans la population étudiée et parfois même absents.

Au niveau d'un marqueur, pour des allèles différents, les fréquences alléliques les plus élevées et les plus basses peuvent s'observer dans un même phénotype. C'est le cas du marqueur

CVRL6D qui présente une fréquence allélique de 83% chez le phénotype Azerghaf. Par contre, la plus faible fréquence allélique (30%) est observée pour le phénotype Amelal.

La majorité des allèles rares (privés) (57) se présentent avec de très basses fréquences, inférieures à 3%. Par contre, trois allèles spécifiques ont montré une fréquence supérieure à 15%. Il s'agit des allèles *VOLP32* pour les phénotypes Abahou et Amelal, *YWLL59* et *CVRL6D* pour le phénotype Atelagh et l'allèle *CVRL1D* pour le phénotype Azerghaf, Par contre, deux allèles uniques chez le phénotype d'Abahou *CVRL7* (292) et *CMS9* (237) montrent une fréquence qui dépasse 7,3%. (Tableau 90).

Tous les phénotypes possèdent un ou plusieurs allèles privés pour un microsatellite. Les microsatellites *CMS9*, *CMS17* et *CMS18* ne possèdent pas d'allèles spécifiques pour le phénotype Azerghaf.

L'analyse de l'ensemble des fréquences alléliques pour chaque phénotype donne une idée sur la variabilité génétique au sein de chacun d'entre eux, mais cette information reste trop vague et ne donne pas une idée précise sur la différenciation des phénotypes. L'analyse des autres indicateurs de variabilité va révéler plus d'information sur leur diversité génétique intra-populations.

Tableau 91 : Diversité génétique des allèles rares (privés) et les fréquences par locus et population : pour les cinq phénotypes étudiées

Microsat	Abahou	Amelal	Alemlagh	Atelagh	Azerghaf
CVRL4D	0.605	0.709	0.583	0.648	0.667
CVRL5D	0.744	0.687	0.792	0.545	0.625
CMS121	0.692	0.687	0.708	0.716	0.583
CVRL6D	0.352	0.360	0.000	0.311	0.833
LCA66	0.721	0.749	0.625	0.670	0.708
CVRL1D	0.896	0.899	0.958	0.886	1.000
YWLL44	0.684	0.748	0.750	0.557	0.833
YWLL59	0.499	0.508	0.417	0.386	0.583
CMS50	0.835	0.862	0.750	0.845	0.875
CVRL8	0.542	0.563	0.583	0.527	0.750
CMS9	0.827	0.734	0.833	0.686	0.000
VOLP10	0.801	0.791	0.833	0.833	0.875
CVRL7	0.857	0.771	0.708	0.670	0.875
CMS25	0.614	0.592	0.583	0.670	0.708
CMS15	0.788	0.852	0.792	0.795	0.833
CMS17	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
CMS18	0.366	0.445	0.625	0.356	0.000
CMS32	0.683	0.664	0.792	0.655	0.792
CMS13	0.771	0.714	0.625	0.773	0.625
VOLP32	0.219	0.294	0.583	0.386	0.500

2.3.2. Nombre total d'allèles et richesse allélique (A_R) :

La richesse allélique d'une population, définie comme le nombre d'allèles présents à un locus donné, est connue pour dépendre de la taille de l'échantillon puisque les chances de découvrir un nouvel allèle augmentent chaque fois qu'un nouvel individu est observé (Foulley et Ollivier, 2006). La richesse allélique (A_R) et le contenu de l'information pour le polymorphisme (PIC) ont été calculés pour chaque locus. Les valeurs du nombre total d'allèles (N_e) et la richesse allélique (A_R) ont été calculées pour chaque phénotype à partir de l'analyse des génotypes obtenus pour les 20 microsatellites analysés.

Le nombre total d'allèles était de 143, 123, 62, 89, 65 respectivement pour les phénotypes Abahou, Amelal, Alemlagh, Atelagh et Azerghaf. Un nombre total de 57 allèles privés ont été identifiés pour toute la population; 37 observés pour Abahou, 15 pour Amelal, 3 pour Alemlagh et 2 pour Alemlagh.

Dans ce travail, le nombre moyen d'allèles par locus varie de 0,37 pour Azerghaf à 3,87 pour Atelagh et Alemlagh et 0.881 pour Abahou et Amelal. Il est de 4,25 pour la population globale ce qui est relativement important comparativement aux résultats obtenus par Ould Ahmed (2009^a).

2.3.3. Taux de polymorphisme de loci microsatellites

C'est le pourcentage de loci polymorphes dans un échantillon analysé. La probabilité d'observer au moins deux allèles à un même locus dépend des fréquences respectives des allèles et aussi de la taille de l'échantillon. Une population sera dite polymorphe pour un locus donné si la fréquence allélique de l'allèle le plus fréquent est inférieure à 0.95, hypothèse considérée dans le présent travail.

Les paramètres génétiques sont présentés dans la Figure 42. La valeur la plus élevée pour le PIC a été trouvée pour microsatellite CVRL1D alors que le plus bas est observé pour microsatellite VOLP32. Les résultats obtenus pour la plupart des loci évalués montrent des valeurs PIC supérieures à 0,5 qui sont considérées comme très instructives (Botstein et al., 1980), ce qui indique un polymorphisme plus élevé chez la population «Tergui» suggérant l'utilité des marqueurs microsatellites sélectionnés pour caractériser les populations du dromadaire algérien (Tableau 91).

Nous avons trouvé un nombre total de 168 allèles distincts ont été détectés des 20 marqueurs microsatellites pour les 5 phénotypes et le nombre d'allèles varie de 2 (YWLL59) à 25 (CVRL1D) (Tableau 91). La richesse allélique par locus (A_R) observée sur tous les échantillons varie de 1.845 pour (VOLP32) et de 5.858 pour (CVRL1D) avec une moyenne de 3.060, ce qui est relativement important dans les études de la caractérisation cameline.

La valeur du nombre moyen d'allèles est presque similaire à celle rapportée par Ould Ahmed (2009^a). Ces différences de valeurs entre les phénotypes («races») étudiées peuvent s'expliquer soit par le nombre des microsatellites utilisés, soit par le nombre d'individus analysés dans chaque étude ou bien par des particularités liées à la structuration de la population étudiée.



Figure 40 : Nombre d'allèles mis en évidence pour chaque marqueur microsatellite dans les cinq phénotypes étudiés

Tous les loci se révèlent polymorphes à 100 % au seuil de 95 % pour la population étudiée. Ce résultat témoigne de l'efficacité des loci microsatellites utilisés pour l'étude de la diversité génétique de la population cameline.

Tableau 92 : Nombre efficace d'allèles mis en évidence pour chaque marqueur microsatellite pour les phénotypes étudiés ainsi que leur PIC

Noms des Locus	N_e	PIC
CVRL4D	7	0.588
CVRL5D	12	0.643
CMS121	9	0.635
CVRL6D	4	0.330
LCA66	8	0.681
CVRL1D	25	0.881
YWLL44	8	0.644
YWLL59	2	0.375
CMS50	11	0.811
CVRL8	3	0.463
CMS9	11	0.736
VOLP10	13	0.786
CVRL7	16	0.780
CMS25	6	0.546
CMS15	13	0.784
CMS18	3	0.344
CMS32	7	0.603
CMS13	7	0.696
VOLP32	3	0.260

N_e , nombre efficace d'allèles. PIC, polymorphism information content.

2.3.4. Taux d'hétérozygoties

Les valeurs des taux d'hétérozygoties attendues non biaisé H_{nb} et observées H_o sont présentées dans le tableau 92. Les valeurs de H_{nb} varient de 0.361 pour le locus CVRL6D de phénotype Amelal à 0.922 pour le locus CVRL1D pour le phénotype Atelagh. Celles de H_o varient de 0,241 pour le locus CVRL6D pour le phénotype Azerghaf à 0.808 pour le locus LCA66 pour le phénotype Alemlagh. Les valeurs moyennes de H_o varient de 0.621 (SE=0.239) à 0.623 (SE=0.290) respectivement pour les phénotypes Alemlagh et Azerghaf. Le plus faible taux d'hétérozygotie non biaisé est enregistré chez le phénotype Azerghaf 0.562 (SE=0.333) tandis que le taux le plus important est observé pour le phénotype Alemlagh (0.587) (SE = 0.284). Les valeurs d'hétérozygoties observées pour l'ensemble des loci analysés sont plus faibles que prévu, ce qui pourrait être attribué à la consanguinité au sein de la population ou par subdivision de la population étudiée en races et phénotypes bien distincts (les effets de Wahlund) (Arora et Bhatia, 2004). Par contre, le taux élevé d'hétérozygotie non biaisé pour le phénotype Alemlagh peut être s'expliquer par le fait que ce dernier est une race composite (tableau 93).

Tableau 93 : Taux d'hétérozygotie par microsatellite pour la population étudiée.

Locus	H_{nb}	H_o
CVRL4D	0.650	0.607
CVRL5D	0.679	0.718
CMS121	0.685	0.771
CVRL6D	0.361	0.241
LCA66	0.701	0.808
CVRL1D	0.922	0.802
YWLL44	0.713	0.511
YWLL59	0.481	0.436
CMS50	0.834	0.775
CVRL8	0.582	0.345
CMS9	0.627	0.522
VOLP10	0.821	0.706
CVRL7	0.768	0.655
CMS25	0.632	0.633
CMS15	0.813	0.742
CMS18	0.364	0.471
CMS32	0.707	0.574
CMS13	0.708	0.743
VOLP32	0.392	0.437
Général	0.622	0.575

Tableau 94 : Taux d'hétérozygotie par population des phénotypes étudiés.

Population	Mean H_{nb}	Mean H_o
Abahou	0.624 (0.234)	0.576 (0.238)
Amelal	0.630 (0.219)	0.576 (0.207)
Alemlagh	0.621 (0.239)	0.587 (0.284)
Atelagh	0.594 (0.218)	0.570 (0.261)
Azerghaf	0.623 (0.290)	0.562 (0.333)

L'ensemble des cinq phénotypes (Abahou, Amelal, Alemlagh, Atelagh et Azerghaf) présentent des taux très élevés d'hétérozygotie non biaisés avec respectivement 0.624, 0.630, 0.621, 0.594 et 0.623. Ces valeurs s'avèrent plus importantes que celles rapportées pour les populations camelines Tunisiennes par Ould Ahmed (2010) qui ont utilisé ces mêmes marqueurs microsatellites. Par contre, elles sont inférieures à celles observées chez les populations de dromadaire d'Arabie saoudite (Mahmoud *et al.*, 2013) et chez les dromadaires indiens (Banerjee *et al.*, 2012). Le nombre d'allèles observés est plus élevé par rapport à d'autres études antérieures sur les différentes populations de dromadaire (Mahmoud *et al.*, 2013; Ould Ahmed *et al.*, 2010; Schulz *et al.*, 2010).

2.3.5. Indice de fixation (F_{is})

La méthode la plus classique de caractérisation des populations, et la plus ancienne. En effet, Les F -statistiques permettent aussi de connaître la structure génétique d'une espèce grâce à l'estimation, d'une part, de F_{IT} (consanguinité totale) et F_{ST} (estimation de différenciation de la population) et, d'autre part, de la F_{IS} (estimation consanguinité au sein de la population). Ces paramètres ont été calculés en utilisant la version 2.9.3.2 *progiciel FSTAT* (Goudet, 2001) avec une signification (P) testée avec 1000 permutations. Le paramètre F_{IS} de Wright, dénommé aussi indice de fixation est appelé auparavant coefficient de consanguinité (Wright, 1969). Ce paramètre mesure l'écart entre les individus de la population à l'état hétérozygote (H_o) et le taux d'hétérozygotie attendu (H_e) ; il est calculé selon la formule : $F_{is} = 1 - (h_o/h_e)$.

L'indice de fixation est l'écart à la structure de Hardy-Weinberg ; il varie de -1 à +1 et permet de connaître le déficit en hétérozygotes par population, par locus et pour l'ensemble des loci. F est positif quand la population présente un déficit en hétérozygotes par rapport à l'équilibre panmictique et négatif dans le cas contraire.

Cet indice est la mesure de l'écart entre les individus trouvés à l'état hétérozygote (H_o) et l'hétérozygote attendu (H_e). Les cinq phénotypes présentent des indices de fixation (F_{IS}) positifs plus ou moins élevés compris entre $F_{IS} = 0,041$ pour Atelagh et $F_{IS} = 0,11$ pour Azerghaf. Alors qu'Abahou ($F_{IS} = 0.076$), Amelal ($F_{IS} = 0.086$) et Alemlagh ($F_{IS} = 0.06$) prennent des valeurs intermédiaires entre les deux extrêmes. Ces indices positifs traduisent aussi un déficit en hétérozygote dont les loci CVRL5D, YWLL44 et CVRL8 sont en partie responsables, car les dits loci

présentent des valeurs de F_{IS} sont souvent supérieurs à 0,35 dans tous les échantillons analysés (Tableau 94).

Les coefficients de consanguinité s'établissent à 8,6%, 7,7%, 4,1%, 11,1 % et 6,3 respectivement pour Amelal, Abahou, Atelagh, Azerghaf et Alemlagh. Ces valeurs se rapprochent des résultats de la population Tunisienne (Ould Ahmed, 2009^a). Mis à part le hasard, trois principaux facteurs pourraient expliquer ce déséquilibre. Il s'agit de facteurs génétiques, de l'existence d'allèles nuls et de l'effet de Wahlund (Jordana et al., 2003). En ce qui concerne les causes génétiques, il est bien connu que la consanguinité (accouplement entre un individu et ses ascendants, ses collatéraux et/ou ses descendants) modifie les fréquences génotypiques. La conséquence en est une perte de variabilité génétique au cours des générations. Le second facteur pourrait être inhérent à l'existence d'allèles nuls, allèles ne donnant lieu par PCR à aucune amplification. Une délétion au niveau des amorces ou une mutation dans les séquences flanquantes du microsatellite pourraient entraîner la présence d'allèles nuls (Laliberté, 1998). Enfin, le dernier facteur fait référence à la présence de sous populations à l'intérieur de chaque population (facteur région) pouvant induire l'effet de Wahlund. A l'échelle de la population, les loci affichent un excès d'homozygote assez important avec $F_{IS} = 0,33$ pour CVRL01 et $F_{IS}=0,78$ pour CVRL07. L'excès en homozygotie ou hétérozygotie observée par rapport à l'homozygotie ou l'hétérozygotie attendue sous l'hypothèse de Hardy-Weinberg a été testé pour chaque locus et population. Ainsi, il apparaît que certaines populations vis-à-vis de certains loci présentent des excès d'homozygotes significatifs par rapport aux proportions de l'équilibre de Hardy Weinberg. D'autres populations ont des excès en hétérozygotes significativement différents des proportions de l'équilibre de Hardy-Weinberg et bien sûr, quelles populations ont montré l'équilibre panmictique au niveau de certains loci. Les valeurs moyennes du F_{IS} observées pour Abahou, Amelal, Alemlagh, Atelagh et Azerghaf avec respectivement 0,076, 0,086, 0,063, 0,041 et 0,111 sont toutes positives suggérant ainsi un déficit en hétérozygotes chez la population étudiée. L'indice moyen pour la population globale est de 0,071 indiquant un déficit d'hétérozygote relativement modéré.

Les paramètres de la variabilité génétique au sein des populations sont inscrits dans le tableau 94. La hétérozygotie observée (H_o) par phénotype varie de 0,562 (Azerghaf) à 0,587 (Alemlagh) et la hétérozygotie attendue impartiale (H_{nb}) varie de 0,594 à 0,630 respectivement pour Atelagh et Amelal. La valeur la plus élevée du nombre moyen d'allèles (MNA) a été observée dans Abahou (7.15) et le plus bas pour Alemlagh (3.10).

Tableau 95 : Mesures de la diversité génétique dans chaque phénotype (Les écarts-types)

Breed	F_{IS}	Mean H_{nb}	Mean H_o	MNA
Abahou	0.076*	0.624 (0.234)	0.576 (0.238)	7.15
Amelal	0.086*	0.630 (0.219)	0.576 (0.207)	6.15
Alemlagh	0.063*	0.621 (0.239)	0.587 (0.284)	3.10
Atelagh	0.041**	0.594 (0.218)	0.570 (0.261)	4.45
Azerghaf	0.111*	0.623 (0.290)	0.562 (0.333)	3.25

F_{IS} , coefficient de déficit hétérozygote; H_{nb} , hétérozygotie attendue; H_o , hétérozygotie observée; MNA, nombre d'allèles signifie; Importance des statistiques $F * P < 0,05$; $** P < 0,01$.

2.4. La variabilité génétique inter-population

2.4.1. Étude des liens génétiques entre populations

2.4.1.1. Paramètres de différenciation génétique des populations

La méthode la plus classique de caractérisation des populations est celle des indices de fixation proposée par Wright (1969). En effet, les F -statistiques permettent de décrire la structure de la population, 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}).

Pour ces trois coefficients, les interprétations qui en ressortent après leurs calculs sont les suivantes:

i) F_{IS} : F_{IS} est théoriquement compris entre $[-1; +1]$, $F_{IS} < 0$ signifie que la sous-population présente un excès d'hétérozygotes qui peut être dû :

- A un régime de reproduction hétérogame (entre individus différents) ou,
- A une sélection des hétérozygotes au locus considéré.

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

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

Dans notre étude, les valeurs moyennes de F_{IS} sont calculées pour l'ensemble des phénotypes étudiés. Les valeurs moyennes de consanguinité (F_{IS}) obtenues varient de 0,041 (Atelagh) à 0,111 (Azerghaf) (Tableau 95).

Celles-ci sont :

- Significativement supérieures à zéro dans tous les phénotypes de la population « Tergui ». Cette population présente donc un déficit global en hétérozygotes.
- Égales à zéro pour le phénotype Atelagh ; cette population est donc en équilibre de Hardy-Weinberg

- Inférieures à zéro pour le phénotype Azerghaf, mais avec une valeur statistiquement non significative.

Tableau 96 : Paramètres de FIS par population étudiée

Populations	F _{IS}
Abahou	0.076*
Amelal	0.086*
Alemlagh	0.063*
Atelagh	0.041**
Azerghaf	0.111*

Signification de *F*-statistiques *P < 0.05; **P < 0.01.

ii) F_{ST}: Le *F_{ST}* 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 grande différenciation génétique,

Les valeurs de *F*-statistiques, pour chaque locus, sont représentées dans le tableau 96. Les valeurs *F_{ST}* pour un seul locus varie de -0,012 (CVRL1D) à 0,056 (VOLP32) indiquant la présence d'une faible sous-différenciation génétique entre les phénotypes de la population étudiée. Pour les valeurs *F_{ST}* multi locus (0.011), 1,1% de la variation totale pourrait être due à des différences entre les populations tandis que les 98,9% restants de la variation peuvent être attribués à des différences entre les individus au sein de la population étudiée. Tous les loci contribuent à cette différenciation avec des valeurs de *F_{ST}* modérément faibles et similaires mais très significatives (P < 0,001). La valeur globale *F_{ST}* est similaire et légèrement plus élevée que celle enregistrée par Mburu et al., (2003) pour le dromadaire du Kenya (0,9%). Cependant, elle est plus faible que celle rapportées pour les races de dromadaires indiens (*F_{ST}* = 8,2%) Vijn et al., 2007) et les populations de dromadaires tunisiens (*F_{ST}* = 9%) (Ould Ahmed et al., 2010).

En moyenne, entre les phénotypes de la population cameline «Tergui» ont un déficit de 7,6 % hétérozygote (*F_{IS}*) alors que la totalité de la population affiche un déficit d'hétérozygote de 8,6% (*F_{IT}*). Les tests globaux de différenciation de la population ont montré (p < 0,01) des résultats très importants pour tous les 19 loci étudiés.

iii) **F_{IT}**: Le F_{IT} est une composante des F_{IS} et F_{ST} . Le tableau 96 montre les valeurs des paramètres de F -statistiques obtenues pour l'ensemble des phénotypes étudiés et pour chaque microsatellite. Les valeurs de F_{IT} varient de 0.025 au locus CVRL5D à 0.302 pour le locus YWLL59.

La valeur de F_{ST} obtenue est égale à 0.011 indiquant une différenciation génétique modérée entre les cinq phénotypes étudiés. En effet, 1.1% de la variabilité totale est ainsi due à des différences entre la population alors que les différences intra populations (entre les phénotypes) expliquent 99 % de la variabilité totale.

La valeur de F_{IT} indique que la population cameline «Tergui» a en moyenne un déficit global d'hétérozygotes de 7,6 % (F_{IS}) alors qu'entre les phénotypes, le déficit d'hétérozygotes s'établit à 8,6 % (F_{IT}). Les tests globaux de différenciation de la population ont montré ($p < 0,01$) des résultats très importants pour tous les 19 loci (Tableau 96).

Tableau 97 : Paramètres F-statistiques selon la méthode de Weir & Cockerham (1984)

Locus name	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
CVRL4D	0.109**	0.123**	0.016**
CVRL5D	0.029**	0.025***	-0.004
CMS121	-0.012	-0.014	-0.001
CVRL6D	0.050***	0.085**	0.036**
LCA66	-0.069	-0.049	0.018**
CVRL1D	0.120**	0.109***	-0.012
YWLL44	0.305**	0.316***	0.015***
YWLL59	0.271**	0.302**	0.043***
CMS50	0.058**	0.048***	-0.010
CVRL8	0.273**	0.294***	0.028***
CMS9	0.105**	0.133**	0.031***
VOLP10	0.130**	0.145***	0.017***
CVRL7	0.034**	0.050***	0.016**
CMS25	-0.024	-0.018	0.005***
CMS15	0.136**	0.137***	0.002**
CMS18	-0.194	-0.174	0.016***
CMS32	0.069**	0.059**	-0.011
CMS13	-0.037	-0.035	0.001**
VOLP32	-0.022	0.035***	0.056***
Overall	0.076**	0.086***	0.011***

Signification de F statistique ** $P < 0.01$; *** $P < 0.001$.

La valeur globale de F_{ST} est de 0.011. Cependant, elle reste très inférieure par rapport à celle de la F_{ST} (10 % Ould Ahmed *et al.*, 2010) chez les populations Tunisiennes. La comparaison de ces résultats montre un faible niveau de différenciation génétique aux niveaux des phénotypes

(«races»), ce qui est probablement dû à un degré relativement élevée de flux génétique entre les phénotypes étudiées (reproduction inter- raciale).

2.4.1.2. Flux des gènes

Les flux des gènes (N_m) entre les paires des populations étudiées (Tableau 97) présentent une valeur relativement très importante (999999.00) entre Azerghaf et Amelal et faible entre les autres phénotypes, exception faite de Amelal et Abahou (164.85). Ces résultats confirment l'influence plus prononcée du phénotype Amelal au niveau du génome de l'Azerghaf, par des croisements répétitifs et guidés par les éleveurs de la région.

Tableau 98 : Flux des gènes N_m entre les paires des phénotypes étudiés.

Ecotypes	Abahou	Amelal	Alemlagh	Atelagh	Azerfghaf
Abahou	-	164.85	8.68	9.85	27.84
Amelal		-	12.47	20.26	999999.00
Alemlagh			-	7.63	4.45
Atelagh				-	19,14
Azerfghaf					-

2.4.1.3. Distances et structure génétique de la population

La distance génétique de Reynolds (1983) est calculée grâce au logiciel *PHYLIP* (Felsenstein, 1989) entre les cinq phénotypes étudiés (Tableau 98). La distance génétique standard de N_{ei} varie de 0,309 à 0.031. L'augmentation des valeurs de distance génétique indique l'augmentation des niveaux de différenciation de la distance génétique entre chaque paire de la population « Tergui ». Les résultats obtenus varient de 0.00152 entre Abahou et Amelal à 0.05468 entre Azerghaf et Alemlagh. Ainsi, une distance intermédiaire est constatée entre Amelal et Azerghaf (0.0970) et entre Alemlagh, Atelagh et Amelal (0.01984 et 0,01226).

Tableau 99 : Distance génétique de Nei-dessous des estimations diagonales et F_{ST} par rapport à la paire dessus de la diagonale et établissement des relations phylogéniques entre les paires des cinq phénotypes étudiés.

Ecotypes	Abahou	Amelal	Alemlagh	Atelagh	Azerghaf
Abahou	-	0.031	0.162	0.084	0.129
Amelal	<u>0.00152*</u>	-	0.156	0.070	0.106
Alemlagh	0.02840	0.01984	-	0.008	0.309
Atelagh	0.02506	0.01226	0.03224	-	0.248
Azerghaf	0.00894	0.00970	<u>0.05468*</u>	0.01298	-

*Valeurs soulignées correspondent à la valeur minimale et maximale de (D_R) entre les cinq phénotypes étudiés.

La représentation arborée de Neighbour-Joining (Nei, 1978) a été utilisée pour construire les dendrogrammes à partir de la matrice des distances calculées selon Reynolds (1983). La figure 43 représente le dendrogramme des cinq phénotypes étudiés obtenus à partir du polymorphisme des 19 loci génotypés. L'analyse de la robustesse des arbres a été réalisée par le test de bootstrap après 1000 permutations des marqueurs. Les numéros des nœuds sont amorcés pour 1000 répétitions de la population étudiée à partir des valeurs de la matrice de distance génétique clairement regroupées en cinq phénotypes. L'arbre obtenu montre une nette subdivision des phénotypes et la présence de trois groupes principaux. Le phénotype Atelagh et Alemlagh constituent un groupe isolé avec une valeur très élevée de bootstrap (95%). Cependant, les phénotypes Amelal et Abahou forment un deuxième groupe avec une valeur de bootstrap de 90 %. Le phénotype Azerghaf se positionne entre ces deux groupes. Cette classification génétique confirme bien les données obtenues par Harek (2008) de cette population et l'utilisation du phénotype Amelal et Abahou comme un améliorateur de la population « Tergui » (à l'exception du phénotype Azerghaf).

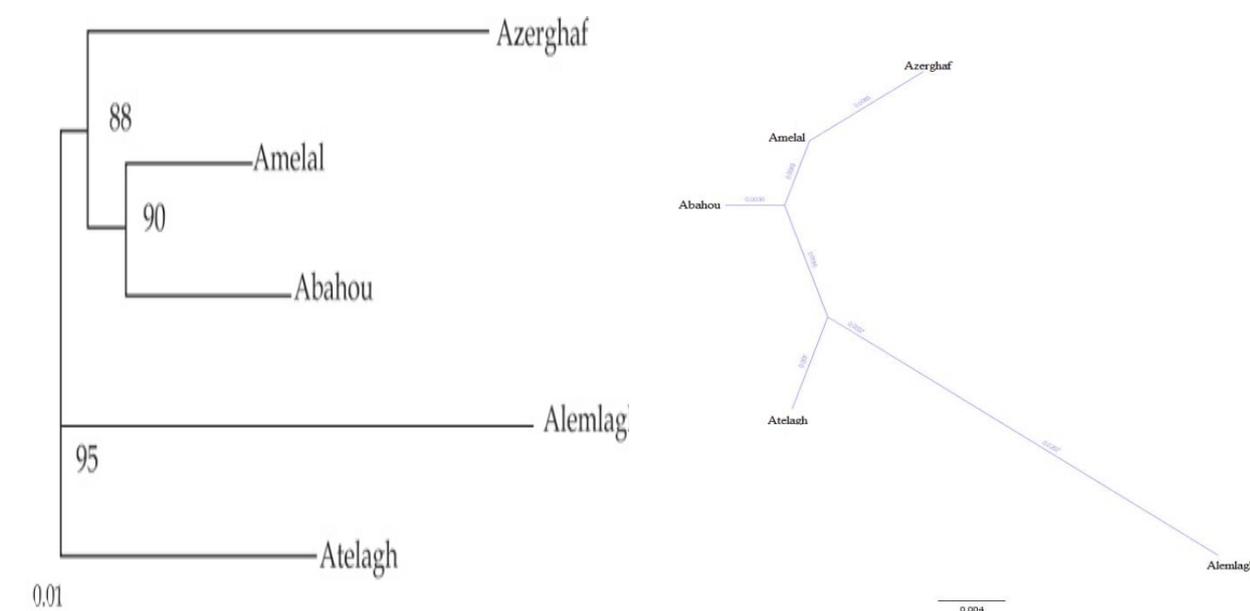


Figure 41 : Arbre Neighbour-Joining basé sur la distance de Reynolds pour les cinq phénotypes étudiés. Les nombres sur les branches représentent les pourcentages obtenus avec 1000 bootstraps

Parallèlement, le dendrogramme neighbor-joining (figure 44) basé sur la distance génétique de Nei, a permis de déterminer le regroupement des phénotypes sous la forme d'un arbre phylogénétique, construit à partir des distances estimées entre allèles partagés entre les individus de la population étudiée ; chaque point représente un seul animal et les phénotypes se distinguent par des couleurs différentes. L'arbre montre que les cinq phénotypes des dromadaires étudiés apparaissent sous forme de mosaïque et la plupart des animaux semblent être mélangés. Ce résultat peut être expliqué par le même origine pour les différents phénotypes (« races ») étudiés.

L'analyse de l'arbre montre que le regroupement des individus se fait indépendamment de l'origine géographique ou phénotypique. Elle a permis de distinguer trois groupes principaux, qui à leur tour, présentent des sous-groupes. Cette répartition sur l'arbre phylogénétique peut être

expliquée par l'existence d'une base génétique commune entre les différentes populations et phénotypes et ce, en dépit de la divergence géographique et phénotypique, en plus de l'absence d'un programme d'amélioration génétique.

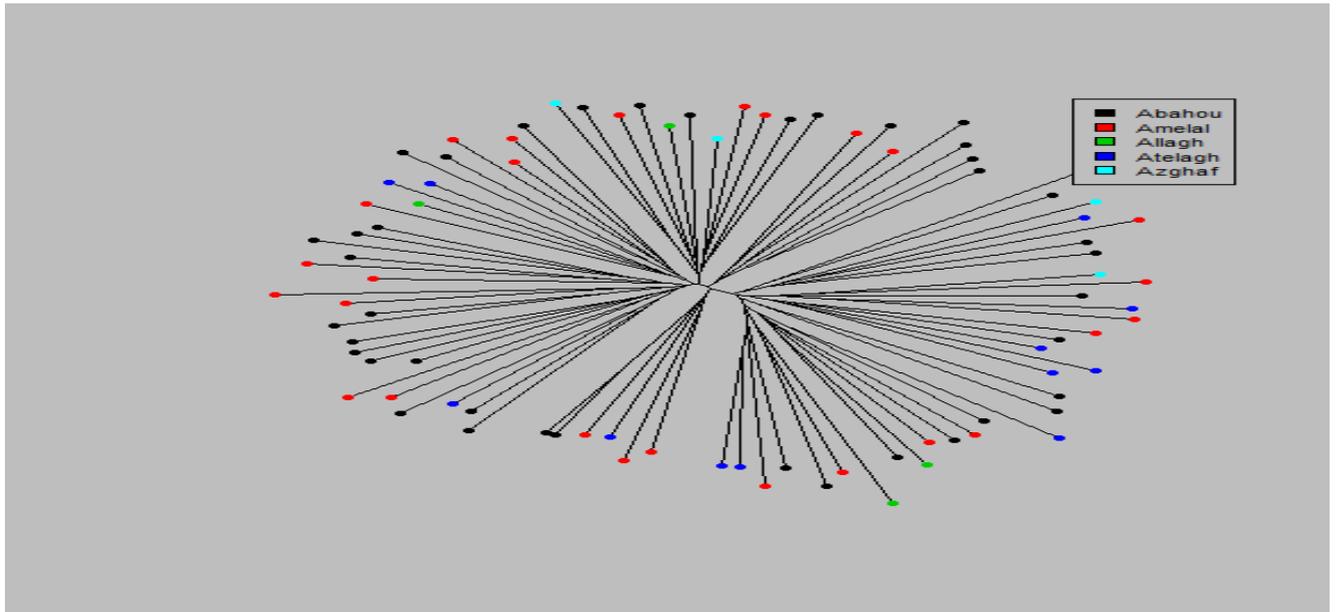


Figure 42 : Arbre neighbour-joining basé sur les distances génétiques de Nei par paire entre tous les individus estimés par le logarithme de la proportion d'allèles partagés.

2.4.1.4. Analyse factorielle des correspondances (AFC).

Les relations génétiques entre les cinq phénotypes étudiés établies à partir d'analyses factorielles des correspondances (AFC) pour regrouper les échantillons en groupes homogènes permettent de distinguer nettement la parcelle à 3 dimensions qui regroupe la population « Tergui » en 2 groupes distincts. Le premier groupe comprend Azerghaf tandis que le deuxième est constitué du reste des quatre phénotypes. La relation entre les cinq écotypes est représentée dans la figure 45. Les trois premiers axes de l'AFC contribuent pour respectivement 36.11, 25.85 et 20.79% au regroupement des phénotypes.

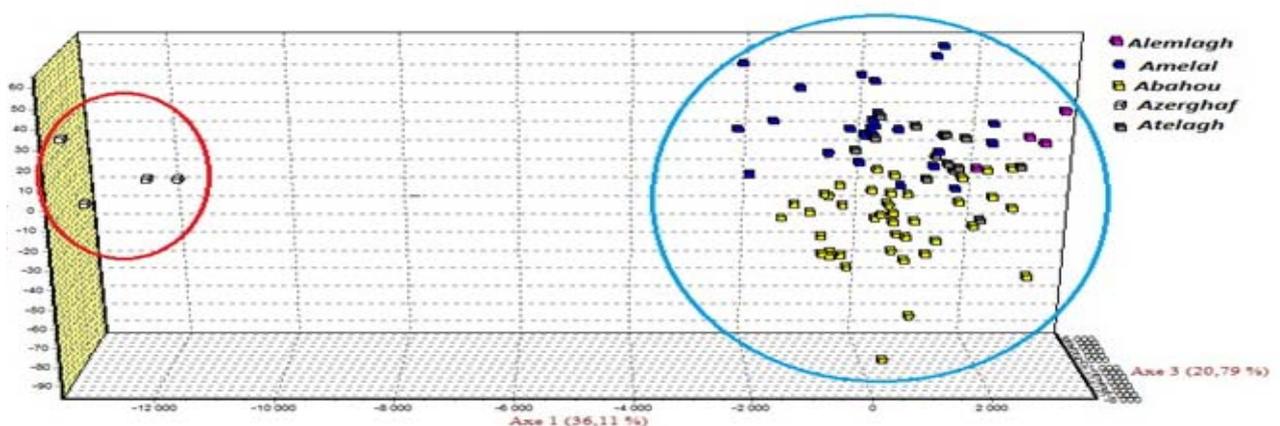


Figure 43 : Analyse factorielle des correspondances des loci 19 microsatellites analysés pour les cinq phénotypes de la population «Tergui».

2.4.1.5. DACP et l'affectation des individus à leurs phénotypes

L'analyse discriminante multivariée en composantes principales a clairement confirmé la similitude génétique des phénotypes de la population « Tergui » (figure 46). La «race» Azerghaf a été clairement différenciée des autres par les 2 premières composantes principales. D'autre part, en fonction des composants principaux, les probabilités d'assignation individuelle à leurs phénotypes respectives étaient de 60 % pour toute la population échantillonnée. Alors que, 80 % de la population ont été correctement affectée au phénotype Abahou, les 42% au phénotype Amelal, les phénotypes Alemlagh et Atelagh ont également montrés un pourcentage modéré de désignation de «race» avec 50% et enfin, 25% au phénotype Azerghaf.

Les phénotypes sont représentées par différentes ellipses d'inertie de couleur, tandis que les points représentent les échantillons individuels ; l'encart montre les valeurs propres de l'analyse discriminante indiquant la dispersion de la population étudiée.

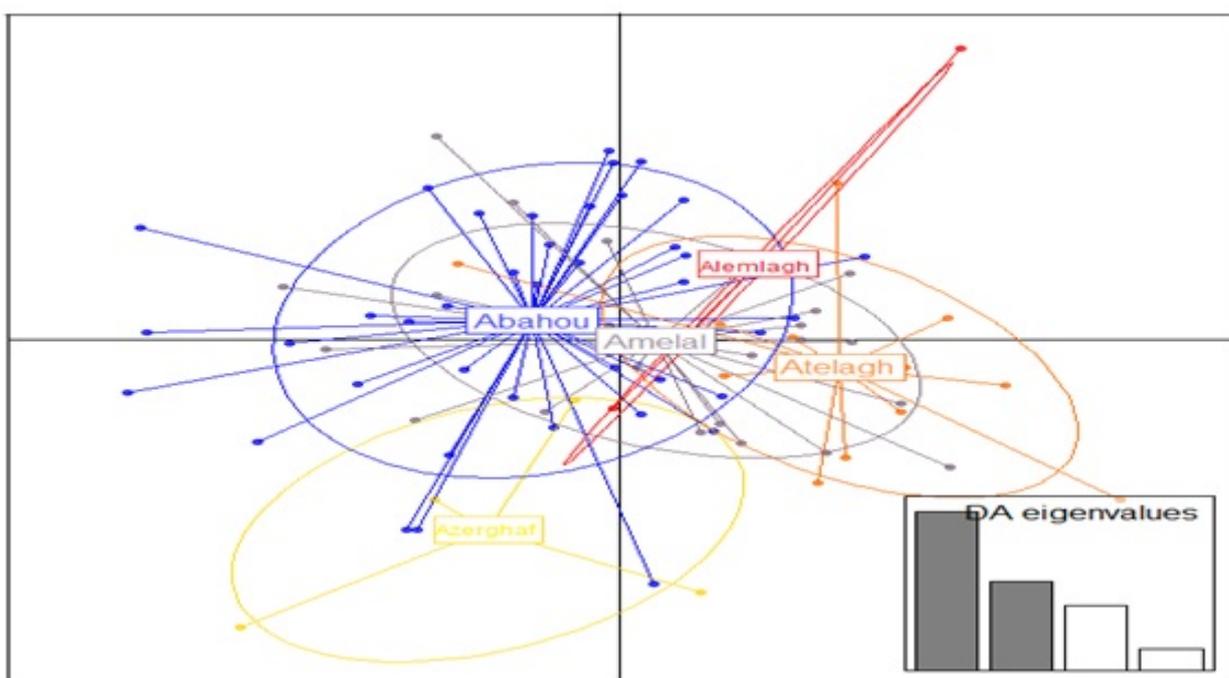


Figure 44 : Diagramme de dispersion de deux premières composantes principales de l'analyse discriminante d'analyse en composantes principales PVAD.

2.4.1.6. Méthodes de clustering

Les analyses Bayésiennes réalisées par le logiciel *Structure* (Pritchard *et al*, 2000) sur l'ensemble des échantillons étudiés ont permis de regrouper les différents phénotypes en K catégories. Les échantillons d'Azerghaf se détachent clairement pour former un cluster distinct à K=2 tandis qu'à K= 8, deux clusters différents se distinguent de façon claire. Il s'agit des deux phénotypes Azerghaf et Abahou. Cependant, elles n'apparaissent pas comme des «races» complètement homogènes ; chacune d'elle présente un certain nombre de génotypes

n'appartenant pas au pool génétique natif de la population. Au-delà de $K=8$, le logiciel Structure n'a révélé aucune différenciation entre les phénotypes Amalal et Abahou. Cette structuration montre que les phénotypes de la population sont fortement proches sur le plan génétique (Figure 47).

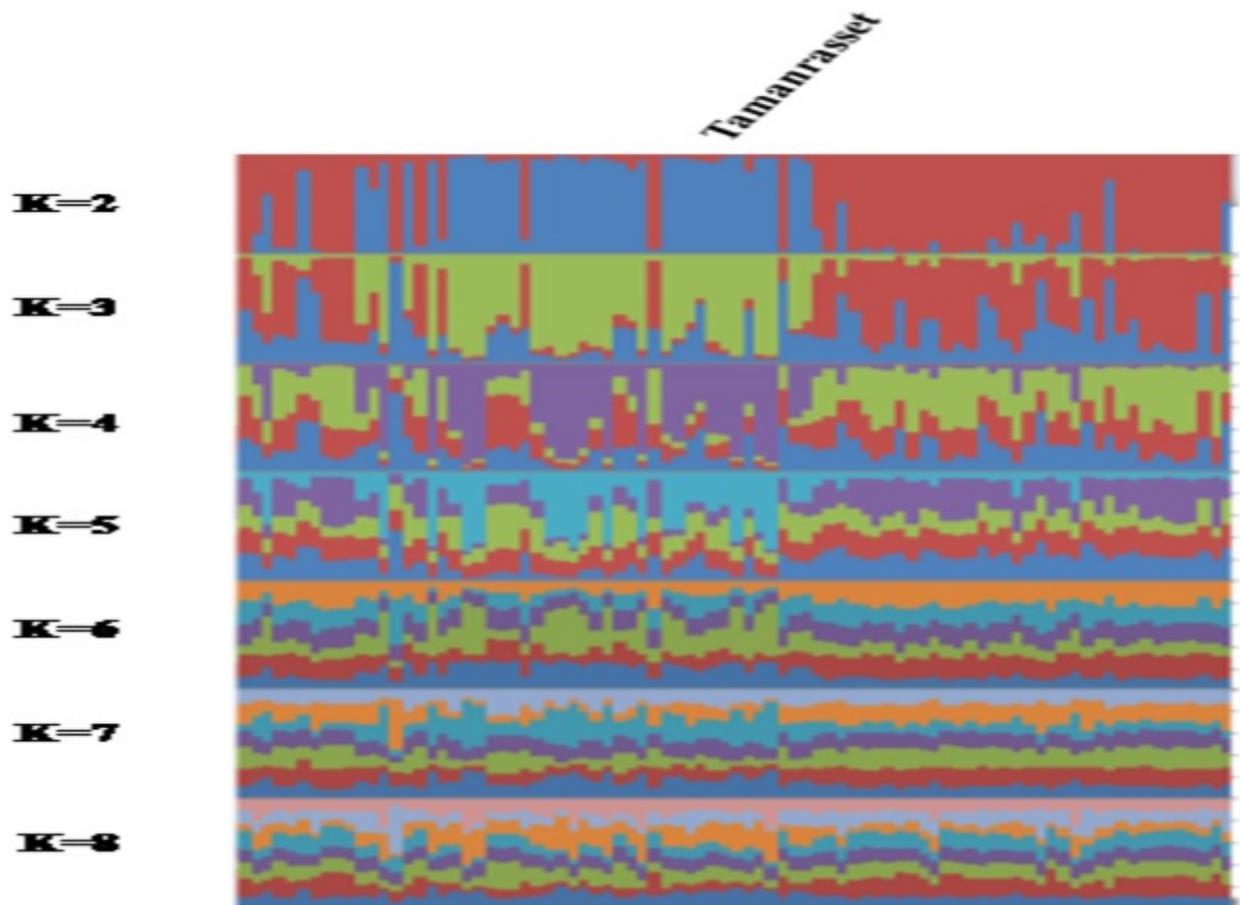


Figure 45 : Plot obtenu en utilisant des structures coefficients d'appartenance individuelle à des clusters (K) supposé être présent dans l'échantillon algérien.

La similitude génétique de la population cameline «Tergui» est illustrée en utilisant trois approches différentes (les distances génétiques, l'analyse des correspondances et les méthodes de classification (DACP)). Ces trois estimations classiques basées sur des relations génétiques donnent des résultats similaires. L'Arbre neighbour-joining (DR) montre une subdivision claire de la population étudiée de l'arbre par groupes principaux divisés chacun en sous-groupes. Le phénotype Azerghaf est celui qui se distingue le plus. Il est beaucoup plus lié au groupe Abahou, Amelal qu'au groupe Alemlagh-Atelagh. La structuration de la population est similaire à celle rapportée par Harek (2008). En outre, la similitude génétique de la population « Tergui » est également mise en évidence en utilisant l'AFC et l'approche de clustering PVAD. Ces résultats peuvent s'expliquer par des ancêtres communs et l'existence d'un vaste flux de gènes entre les cinq phénotypes de la population «Tergui».

CONCLUSION

Les ressources génétiques animales représentent un élément important sur le plan de la croissance économique, environnemental et socioculturel d'un pays. En Algérie, les ressources génétiques camelines font partie du patrimoine génétique national et ont une grande valeur économique et socio-culturelle dans le développement des régions arides et semi-arides. Toutefois, l'information sur la diversité génétique des populations camelines algériennes est essentielle pour l'établissement de stratégies de conservation et de gestion durable des populations en vue de promouvoir la mise en valeur des ressources zoogénétiques tout en garantissant leur conservation pour les besoins des générations présentes et futures. Il est fortement recommandé que les analyses moléculaires soient accompagnées de tests morphologiques comme méthodes complémentaires pour mieux décrire la diversité de cette population.

Cette première étude sur la diversité génétique de la population cameline «Tergui » à travers les cinq phénotypes (« races » nominales) camelins de la région du Hoggar (W. Tamanrasset) a permis de révéler une grande diversité phénotypique qui est due à la présence d'un certain nombre de mutations à effet visible. Le polymorphisme génétique de ces phénotypes a été étudié sur le plan morphologique et moléculaire sur un échantillon de 520 animaux.

A la lumière des résultats obtenus, il apparaît que la population « Tergui » qui est géographiquement voisine est génétiquement proche. En revanche, il semble qu'il existe une divergence significative entre les populations éloignées géographiquement (cas des phénotypes Abahou et Azerghaf). Par ailleurs, l'analyse de la diversité génétique de Nei ainsi que les distances génétiques entre les cinq phénotypes montrent que ces dernières semblent avoir une parenté génétique.

L'usage des marqueurs microsatellites a permis de confirmer, au niveau moléculaire, la diversité génétique observée au niveau morphologique. Les résultats de génotypage présentés dans ce travail sont basés sur 20 loci polymorphes. Même si le nombre de locus étudiés est assez important, les résultats de cette étude offrent une première estimation de la diversité génétique cameline dans la région de Tamanrasset. Cependant, ces résultats ne constituent qu'une modeste contribution à la caractérisation des populations du dromadaire en Algérie. Ils constituent cependant un d'acquis pour la mise en œuvre d'un programme de conservation de l'espèce cameline dans le pays. D'une façon générale, la présente étude a permis de mettre en évidence chez les dromadaires en Algérie, un niveau élevé de diversité génétique, principalement d'origine intra population. Les résultats montrent que la population étudiée partage une grande base génétique malgré l'apparition de différences régionales avec un taux de consanguinité assez important, soit 15%. En effet, la population semble menacée par l'absence de gestion des généalogies dans les troupeaux et par des croisements consanguins qui pourraient entraîner une évolution de sa structure génétique vers l'homozygotie. Plusieurs facteurs dont les pratiques des éleveurs, le statut actuel de l'espèce et son histoire évolutive expliquent sa structuration génétique actuelle. Le maintien de la diversité génétique existante au sein de

l'espèce constituera une étape importante dans le cadre de la conservation des ressources génétiques animales. De ce fait, il apparaît que l'absence d'un programme de gestion des élevages ou de sélection organisée pour un type de production donné ainsi que l'importance de la migration non contrôlée des individus entre les troupeaux, provoquent un flux de gènes continue entre les phénotypes, favorisant ainsi la diversité au sein de la population, ce qui provoque par conséquent une diminution de la différenciation génétique qui existe entre les phénotypes.

Toutefois, il convient de souligner que ce travail ouvre de nombreuses perspectives pour des recherches futures qui doivent être consolidées grâce à un échantillonnage plus exhaustif des populations et « races » afin d'avoir une vision plus complète sur le statut génétique de l'espèce sur le plan régional et national. Il serait également intéressant d'utiliser la même méthodologie pour quantifier le profil génétique des traits qualitatifs et quantitatifs par l'utilisation des techniques moléculaires plus avancées comme par exemple l'utilisation de la totalité des marqueurs microsatellites proposés par la FAO d'une part, et l'utilisation des SNP's d'autre part afin d'affiner avec précision l'état de la diversité génétique de façon à permettre de projeter des plans de conservation et d'amélioration génétique des populations camelines peuplant le territoire national.

- 1 Abaab, A., Bédrani et Chiche J. (1995). Les politiques agricoles et la dynamique des systèmes agropastoraux au Maghreb. Les agricultures Maghrébines à l'aube de l'an 2000. Options Méditerranéennes. 14:140-165.
 - 2 Acourene. S, Belguedj M., Tama M., et Taleb B. (2001), Caractérisation, évaluation de la qualité de la datte et identification des cultivars rares de palmier dattier de la région du Ziban, revue Recherche Agronomique N°8, 2001, pp19-39.
 - 3 ACSAD (1990). Camel newsletter N°4, 1990, P15.
 - 4 ACSAD (1996). Camel newsletter N°12, septembre 1996, P74.
 - 5 ACSAD (2002). The Socio-Economic of camel Herders in Sudan. The camel Applied Research and Development Network CARDN/ACSAD/Camel/P 102. 2002.
 - 6 Adnane. S.J. et Zohir F.J, (1990), Dromadaire: caractéristique et physiologie, université de Baghdad, 1990, PP 208.
 - 7 Ajmone-Marsan, P., A.Valentini, M. Cassandro, G. Vecchiotti-Antaldi, G. Bertoni and M. T. R. Kuiper. (1997). AFLP markers for DNA fingerprinting in cattle. *Animal Genetics*. 28: 418-426.
 - 8 Al Mutairi, S.E. (2000). Evaluation of Saudi camel calves performance under an improved management system. *Revue Élev. Méd. vét. Pays trop*. 53 : 219-222.
 - 9 Al-Yousef N., Gaafar A., Al-Otaibi B., Al-Jammaz I., Al-Hussain K., Aboussekhra A., (2012). Camel urine components display anti-cancer properties in vitro. *J. Ethnopharmacol.*, 143, 819-825
 - 10 Alioua. H. (2004), journal El Watan édition 24/08/2004.
 - 11 Alshaikh et Salah (1994) Alshaikh, M. A. and M. S. Salah. 1994. Effect of milking interval on secretion rate and composition of camel milk in late lactation. *J. Dairy Res*. 61:451–456.
 - 12 AnGR, (2003), Rapport national sur les ressources génétiques animales : Algérie, 2003, P 46.
 - 13 Arif. M et Regab. S (1995). Contribution à l'étude des systèmes d'élevages: camelins, ovins et caprins dans leurs milieux naturels (Sahara septentrional) thèse. ing. INFSA/AS. Ouargla, 1995, P75.
 - 14 Audiot, A. (1996), La conservation in situ des races menacées d'Animaux domestiques : Actions, progrès et problèmes reconstruits- Equins In quelles ouvertures vers l'Europe et le monde, Parcs naturels de France, 61-74
 - 15 Audiot, A. (1995), Races d'hier pour l'élevage de demain. Editions INRA Coll. Espaces ruraux,, Paris, 229 p.
 - 16 Ayad. M.A. (1996), Les caractères morphologiques des camelins au Sahara septentrionale en Algérie. thèse ingénieur. agro. .INFSA/AS. Ouargla.1996, pp99.
-

- 17 Baatout (1996) بعطوط م. س (1996) الخصائص المظهرية للإبل في الصحراء الشمالية الجزائرية . رسالة مهندس فلاحى ، م . و.ت.ع / ف.ص.ورقلة. 30-35 ص
- 18 Barker JSF, Hill WG, Bradley D, Nei M, Fries R, Wayne RK, (1998). *Measurement of domestic animal diversity (MoDAD): original working group report*. Fao. Rome.
- 19 Baumung R., Simianer H. et Hoffmann I. (2004) Genetic diversity studies in farm animals a survey. *J Anim Breed Genet.*121, 361–373.
- 20 Beckman J.S., Weber J.L. (1992) Survey of human and rat microsatellites. *Genomics*, 12, 627–631.
- 21 Behl R., Behl J., Gupta N., Gupta S.C. (2007) Genetic relationships of five Indian horse breeds using microsatellite markers. *Animal*. 1, 483–488.
- 22 Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N., Bonhomme F. (2002) GENETIX 4.04, Logiciel sous Windows TM pour la Genetique des Populations. Montpellier (France): Laboratoire Genome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II.
- 23 Ben Aissa. R, (1988): le dromadaire en Algérie – séminaire sur la digestion, la nutrition et la l'alimentation du dromadaire, Ouargla 28- 29 février – 01 mars 1988, Algérie, 1988 –pp 20-21.
- 24 Ben Aissa, (1989), Le dromadaire en Algérie, Option mediterranées 2 p 19-28
- 25 Bennett L.B., Shriver M.D., Bowcock A.M. (1997) Markers and Methods for Reconstructing Modern Human History. *DNA Seq.* 8, 329–341.
- 26 Bessaoud et al, (2000),
- 27 Benzécri, J.P, F (1984) Pratique de l'analyse des données. Tome 1: l'analyse des correspondances et classification. L'analyse des données, Tome .2, Partie A, p. 3
- 28 Bienvenu, T. Meunier, C. Bousquet, S. Chiron, S. Richard, L. Gautheret-Dejean, A. Rouselle, J.-F. Feldmann. D. (1999). Les techniques d'extraction de l'ADN à partir d'un échantillon sanguin. *Annales de Biologie Clinique*. 1999;57(1):77-84.
- 29 Birnboim H C & Doly J (1979) A rapid alkaline extraction procedure for screening recombinant plasmid DNA. *Nucl. Acid. Res.* 7:1513-1523, 1979. [Laboratoire de Génétique Moléculaire, Institut de Recherche en Biologie Moléculaire, Paris, France]
- 30 Black W. (1993) PCR with arbitrary primers: approach with care. *Insect Molecular Biology*, 2, 1–6.
- 31 Blanc, C. P et Ennesser Y. (1989). Approche zoogéographique de la différenciation intraspecificue chez les dromadaires (*Camelus dromedarius*) Linné 1766 (Mammalia, camelidae). *Revue Elev.Med. Pays Trop.* 42 : 573-587.
- 32 Boichard, D., Leroy P., Leveziel H. et Elsen J-M. (1998). Utilisation des marqueurs moléculaires en génétique animals. *INRA Prod. Anim.* 11: 67-80.

- 33 Bookstein F. L., Chernoff B., Elder R. L., Humphries J. M. Jr., Smith G. R. & Strauss R. E. (1985). Morphometrics in evolutionary biology. The geometry of size and shape change, with examples from fishes. Special publication 15. The Academy of Natural Sciences of Philadelphia, 277p.
 - 34 Botstein D., White R. L., Skolnick M. and Davis R. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *American Journal of Human Genetics*. 32 : 314-331.
 - 35 Boubekeur, N. et Guettafi. 1994. Introduction à l'étude du mode d'élevage camélin dans la steppe algérienne, Mémoire Ing Agro Sah. INFS/AS, Ouargla, 79 p.
 - 36 Bouregba. C et Lounis. M. (1992), contribution à l'étude des systèmes d'élevages et les caractères de production des races camelines dans le Sahara septentrional. Thèse ing. Agro. Sah. INFS/AS Ouargla, 1993, P80.
 - 37 Boue. A. (1948), Les chameaux de l'Ouest saharien in: revue d'élevage et de vétérinaire des pays tropicaux N°2, P193-201.
 - 38 Boue. A. (1952), L'originalité du chameau in: revue d'élevage et de vétérinaire des pays tropicaux N°2, P109-114.
 - 39 Bourbouze, A. (2006). Systèmes d'élevage et production animale dans les steppes du nord de l'Afrique : une relecture de la société pastorale du Maghreb. *Sécheresse*. 17 : 31- 39.
 - 40 Bouroche, J. M., Saprota, G., (1992). L'analyse des données. Collection Que sais-je?, 854, 5^{ème} édition, Presse Universitaire de France, Paris (France), 127 p.
 - 41 Bowling A. T., Del Valle A., Bowling M. (2000) A pedigree– based study of mitochondrial D–loop DNA sequence variation among Arabian horses. *Anim. Genet*. 31, 1–7.
 - 42 Brito, J. C., Santos, X., Pleguezuelos, J. M., Fahd, S., Llorente, A. G. & Parellada, X., (2006). Morphological variability of the Lataste's viper (*Vipera latastei*) and the Atlas dwarf viper (*Vipera monticola*): patterns of biogeographical distribution and taxonomy. *Amphibia-Reptilia*, 27 : 219-240.
 - 43 Brody JR, Calhoun ES, Gallmeier E, Creavalle TD, Kern SE (2004). Ultra-fast high-resolution agarose electrophoresis of DNA and RNA using low-molarity conductive media. *Biotechniques*. 37:598-602
 - 44 Bruford M.W., Wayne R. K. (1993) Microsatellites and their application to population genetic studies current opinion in Genetics and Development. *Molecular Biology and Evolution*. 3, 939 – 943.
 - 45 Burgot G. | Burgot J. L. (2011), Méthodes instrumentales d'analyse chimique et applications Méthodes chromatographiques, électrophorèses, méthodes spectrales et méthodes thermiques. Edition LAVOISIER / TEC ET DOC (3ème édition) 368p.
 - 46 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.
- 47 Cauvet, Commandant (1925), Le chameau, anatomie, physiologie, races, extérieur, vie et mœurs, élevage, alimentation, maladies, rôle économique. Edition librairie J-B. Bailliere et fils, P725.
- 48 CRED.1989, centre des études et de la recherche sur le dromadaire. journal scientifique N°3, LYBIE. 1989.
- 49 Chambers G. K. et Mac Avoy E. S. (2000). Microsatellites, consensus and controversy. Comparative Biochemistry and Physiology. Anim. Genet.126, 455–476.
- 50 Cherifi Y.A., Gaouar S.B.S, Moussi N, Tabet Aoul N; and Saïdi-Mehtar N. (2013), Study of camelia biodiversity in Southwest of Algeria, Journal of life Science vol7 p416-427.
- 51 Cirad-Emvt, Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (1999). © Copyright Cirad 2001. <http://camelides.cirad.fr/fr/curieux/origine3.html>
- 52 Cooper D. N., Krawczak M. et Antonorakis S. E. (1995) The nature and mechanisms of human gene mutation, metabolic and molecular bases of inherited disease, 7th ed. McGraw-Hill, New-York, 259–261.
- 53 Crow J.F., Kimura M. (1970) An Introduction to Population Genetics Theory. Harper & Row, New York. 1160–1164.
- 54 DAD-IS, Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS). (2015).
- 55 Darlu, P. & Tassy, P., (1993). Reconstruction phylogénétique. Concepts et méthodes. Collection biologique théorique, 7. Edition Masson, Paris, 245p.
- 56 Dajoz R. (2008), Biodiversité, l'avenir de la planète et de l'homme. Editeur Ellipses. 2008.
- 57 Délacrétaç-Wolff A.S. (1997) Étude génétique et sérologique des systèmes de groupes sanguins du mouton. Thèse de Doctorat, L'École Polytechnique Fédérale de Zurich.
- 58 Denis. B. (2004). La domestication: Un concept devenu pluriel. INRA. revue production animale, 17(3), pp 161-166. juillet 2004.
- 59 Dennler De La Tour, (1971), in Richard D. 1980.
- 60 Dervin. C, (1992). Comment interpréter les résultats d'une analyse factorielle des correspondances, collection STAT-ITC France. P 72.
- 61 Diallo, B.C. (1989). L'élevage du dromadaire en Mauritanie. Options Méditerranéennes. 2 : 29-32.
- 62 Dmitriev NG, Ernst LK (1989). Animal Genetics Resources of the USSR. Food and Agriculture Organization of the United Nations: Rome, Italy.
-

- 63 Dryden, I. L. & Mardia, K. V., (1998). Statistical shape analysis. John Wiley & Sons, Chichester, 347p.
- 64 DSASI, MADRP (2014). Source. Adapté de: World Economic Forum, « The Global Competitiveness Reports », Full Data.
- 65 Earl D.A., VonHoldt B.M. (2011) STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing Structure output and implementing the Evanno method. *Conserv. Genet. Resour.*, 4, 359–361.
- 66 El Mousadik A., Petit R.J. (1996) High level of genetic differentiation for allelic richness among populations argan tree [*Argania spinosa* (L. Skeels)] endemic to Morocco. *Theor.Appl. Genet.* 92, 832–836.
- 67 Epstein. H. (1971), The Origin of the Domestic Animals of Africa. Volume I. Volume II. In collaboration with I. L. Mason. New York & London: Africana, 1971. Africana Pub. Corp., 1292 pages
- 68 Evanno G., Regnaut S., Goudet J. (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software Structure: a simulation study. *Mol. Ecol.*, 14, 2611– 2620.
- 69 FAO. (1984) Animal genetic resource conservation by management, databanks and training. Animal Production and Health Paper, No. 44/1.
- 70 FAO, (1999). The global strategy for the management of farm animal genetic resources. FAO, Rome.
- 71 FAO, (2000), World watch list for domestic animal diversity (third), FAO, Rome Italy.
- 72 FAO, (2002), FAO production Yearbook effectifs des camelin tableau 89. Rome. ITALIE, Vol 56-2002 PP 212-214.
- 73 FAO-ISAG (2004) Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Recommended Microsatellite Markers New Microsatellite marker sets – Recommendations of joint ISAG/FAO Standing Committee. 58p.
- 74 FAO. (2008) L'état des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde, édité par Barbara Rischkowsky et Dafydd Pilling. Rome. Page 3888.
- 75 FAO, (2011), Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. No.9. Rome.
(<http://www.fao.org/docrep/014/i2413e/i2413e00.htm>).
- 76 FAO, (2012^a), Mise en place de cadre institutionnel pour la gestion des ressources zoogénétiques. Rome p 5.
- 77 FAO, (2012^b). Réalisation d'enquête et de suivi pour les ressources zoogénétiques. Rome.
-

- 78 FAO, (2013), Statistical Yearbook. Food And Agriculture Organization Of The United Nations *World food and agriculture*. Rome 2013.
- 79 FAOSTAT, (2014), FAO Statistical Yearbook. Food And Agriculture Organization Of The United Nations *World food and agriculture*. Rome 2014.
- 80 FAO/PNUE, (1998). Liste mondiale d'alerte pour la diversité des animaux domestique, 3ème édition édité par B.D. Scherf. Rome.
- 81 Faye B., (1997). Guide de l'élevage du dromadaire, Liborne France ED. Sanofi p 126.
- 82 FAYE B., (2004). Dairy productivity potential of camels. In: Proc. 34th
- 83 Faye, B., Grech S., et Korchani T. (2004). Le dromadaire, entre féralisation et intensification. *Anthropozoologica*. 39 : 7-14.
- 84 Felsenstein J. (1989) PHYLIP—Phylogeny Inference Package (Version 3.2). *Cladistics*, 5, 164–166. Francois O. How to display admixture coefficients (Q matrix) spatially? (available at: http://membres.timc.imag.fr/Olivier.Francois/admix_display.html).
- 85 Fida, H.M. (1999). Study on management patterns of camel in delta region. Thesis of M. Sc.(Hons.) Livestock Management, Sindh Agriculture University, Tando Jam, Pakistan.
- 86 Foulley J.L., Ollivier L. (2006) Estimating allelic richness and its diversity. *Livest. Sci.* 101, 150-158.
- 87 Frankham R. (2005) Genetics and extinction. *Biological Conservation*. 126, 131–140.
- 88 Gandini, G., Oldenbroek, J.K. (1999): Choosing the conservation strategy. In: *Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources*. Oldenbroek, J.K (ed.), ID-DLO, Lelystad; 11-31.
- 89 Gandini, G. C. and E. Villa. (2003). Analysis of the cultural value of local livestock breeds: a methodology. *J. Anim. Breed. Gent.* 120 :1-11.
- 90 Girardot M., Guibert S., Laforet M.P., Leveziel H., Julien R., Oulmouden A., (2003), Exploitation des genes de la coloration de la robe pour une stabilité raciale des produits d'origine bovine, *Renc, Rech Ruminants* 10 p 33-36.
- 91 Gandini, G. C. and E. Villa. (2003). Analysis of the cultural value of local livestock breeds: a methodology. *J. Anim. Breed. Gent.* 120:1-11.
- 92 Grosclaude, F., R. Y. Aupetit, J. Lefebvre et J. C. Meriaux. (1990). Essai d'analyse des relations génétiques entre les races bovines françaises à l'aide du polymorphisme biochimique. *Genetic Selection and Evolution*. 22: 317-338.
- 93 Guerradi, M. (1998). Contribution à la détermination de la composition et la caractérisation physicochimique du lait de chamelle, Mémoire Ing Agro Sah. INFS/AS, Ouargla, 58 p.
- 94 Guernec A., Berri C., Chevalier B., Wacrenier-Cere N., Le Bihan-Duval E., Duclos M.J., (2003).
-

- Muscle development, insulin-like growth factor-I and myostatin mRNA levels in chickens selected for increased breast muscle yield. (Développement musculaire et taux d'ARNm de l'IGF-I et myostatine chez des poulets sélectionnés sur le taux de développement en filet.) *Growth Hormone and IGF Research*, 13, 8-18.
- 95 Guerouali, A. (2005). Identification and characterization of Moroccan camels. FAO-ICAR. Seminar on camelidés, Sousse, Tunisia may 30th, 2004.
- 96 Goudet J. (2001) FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (ver 2.9.3). Université de Lausanne. <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm>.
- 97 Hammadi, M. (1996). Effets d'une supplémentation par un aliment concentré sur les performances de production et de reproduction en période post-partum chez la chamelle (*camelus dromedarius*) élevée sur un parcours du sud tunisien ; mémoire de fin d'étude du cycle de spécialisation de l'I.N.A.T., 95 pages.
- 98 Hammadi, M., T. Khorchani, G. Khaldi, H. Abdouli, N. Slimane, D. Portetelle and R. Renaville. (1998). Feeding supplement and productive performances of dromedary females under arid Tunisian range conditions. The international meeting on camel production and future perspectives. United Arab Emirates, May 2-3, 1998.
- 99 Hammadi, M., T. Khorchani, G. Khaldi, A. Majdoub, H. Abdouli, N. Slimane, D. Portetelle and R. Renaville. (2001). Effect of diet supplementation on growth and reproduction in camels under arid range conditions. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.* 5: 69-72.
- 100 Hamrick J.L., Murawski D.A., Nason J.D. (1993) The influence of seed dispersal mechanisms on the genetic structure of tropical tree populations. *Plant Ecology* 108, 281–297.
- 101 Hamrouni A, (1982). Présentation de trois méthodes d'analyses multi variables. Bull. Techn. INRA, Médenine. Tunisie, P46
- 102 Hanset R. (1975) Les paramètres génétiques des caractères d'engraissement et de carcasse chez le porc Piétrain. *Ann Génét Sél.* 4, 451–467.
- 103 Harek D. (2008). Contribution à l'étude de la diversité génétique des populations camelines (genre *camelus*) dans la région du Hoggar (Sud Algérien). Thèse de Magister en sciences agronomiques, option Sciences animales. INA d'El Harrach. 114P.
- 104 Hartl D.L. (1988) *Génétique des populations*. Médecine–Science Flammarion, Paris, 305.
- 105 Herrman K. Fischer A. (2004). Method for hygienic slaughter of camels. In Z. Farah, A. Fisher (Eds.), *Milk and meat from the camel. Handbook on products and processing.* (pp. 89–108). vdf Hochschulverlag AG an der ETH Zurich, Zurich/Singen.
- 106 Hermas S.A, Abushuashi H. , Abusaud F., (1998). A primary investigation on heritabilities of growth measures in the magrabi camel in Libya, in: *Proceedings of the Third Annual Meeting for Animal Production under Arid Conditions*, United Arab Emirates University, 1998, vol 1pp. 65-70.
-

- 107 Hill E. W., Bradley D. G., Al-Barody M., Ertugol O., Splan R.K., Zakharov I et Cunningham E. P. (2002) History and integrity of thoroughbred dam lines revealed in equine mtDNA variation. *Anim. Genet.* 33, 287–294.
 - 108 Humphries, J. M., Boostein, F. L., Chernoff, B., Smith, G. R., Elder, R. L. & Poss, S. G., (1981). Multivariate discrimination by shape in relation to size. *Systematic Zoological*, 30 : 291-308.
 - 109 Huson D.H., Bryant D. (2006) Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Mol. Biol. Evol.*, 23, 254–267.
 - 110 Hussein, A. M. (1989). Husbandry and management of camels in Somalia, Ethiopia, Kenya and Djibouti. *Options Méditerranéennes*. 2 :37-44.
 - 111 Ihssen, P. E., Booke, H. E., Casselman, J. M., Mcglade, J. M., Payne, N. R., Utter, F. M., (1981). Stock identification: materials and methods. *Canadian Journal Fisheries and Aquatic Sciences*, 38 : 1838-1855.
 - 112 Issam, T.K and M. Osman. (2005). Camelid Genetic Ressources: reports on three Arabian Gulf countries. FAO-ICAR Seminar on camelid, Sousse, Tunisia May 30th, 2004.
 - 113 Jasra, A.W. and K.M. Aujla. (1997). Socio-economic profile of camel herders in southwestern mountainous areas of Pakistan. CARDN Scientific Report No.1. National Aridland Development and Research Institute (NADRI), Islamabad.
 - 114 Jasra, A. W and M. A. Mirza. (2005). Camel production systems in Asia. FAO-ICAR Seminar on camelid, Sousse, Tunisia may 30th, 2004.
 - 115 Jianlin JP. Han Jianlin, Quan Jiexia , Men Zhenming , Zhang Yaping and Wang Wen, (1999), Three unique restriction fragment length polymorphism of EcoRI PvuII and Sca I digested mitochondrial DNA with *Bactrianus camel* in China, *Journal of animal science* 77.p2315-2316
 - 116 Jivotovski, (1985), *Génétique, évolution et environnement* .Ed. Mir, Moscou, 39-47 P.
 - 117 Joly D. (2005) analyse de la diversité génomique des populations de *Cronartium ribicola*, agent responsable de la rouille vésiculeuse du pin blanc. *Faculté des études supérieures, Université Laval*. 7, 298.
 - 118 Jombart T. Devillard S. and Balloux F. (2010). Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics* 2010, 11:94
 - 119 Jouany JP., (2000), La digestion chez les camelidés, Comparaison avec les ruminants *INRA Prod.Anim*13 p 165-176
 - 120 Kadim I, Mahgoub O, Purchas RW (2008). A review of the growth, and of the carcass and meat quality characteristics of the one-humped camel (*Camelus dromedaries*). *Meat Sci.*, 80, 555-569.
-

- 121 Kamili A, Bengoumi M, Faye B (2006). Assessment of body condition and body composition in camel by barymetric measurements. *J. Camel Pract. Res.*, 13(1), 67-72.
 - 122 Kamoun M (1995^a). Dromedary meat: production, qualitative aspects and acceptability for transformation. *Option Méditerranéennes Serie B, Etudes et Recherches*, 13, 105–130.
 - 123 Kamoun, M. (1995^b). Le lait du dromadaire : production, aspects qualitatifs et aptitude à la transformation. *Options Méditerranéennes*. 13 :81-102.
 - 124 Kamoun M., Girard P., Bergaoui R. (1989). Alimentation et croissance du dromadaire. Effet d'un aliment concentré sur l'ingestion de matière sèche et la croissance du chamelon en Tunisie. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays Trop.*, 42, 89–94.
 - 125 Karimi, S.K. et Kimenye, D.M. (1990). Some observations on reproductive performance of camels kept in Northern Kenya. Is it possible to improve reproductive performance in the camel? *Proc. UCDBC Workshop*, Paris.
 - 126 Karp A., Seberg O., Buiatti M. (1996) Molecular Techniques in the Assessment of Botanical Diversity. *Annals of Botany*. 78, 143–149.
 - 127 Kaufman, L. and Rousseeuw P.J. (1990). *Finding Groups in Data* (John Wiley & Sons, New York).
 - 128 Kaufmann, B. (1998). *Analysis of pastoral camel husbandry in Northern Kenya*. Hohenheim tropical. Margraf Verlag, Germany. 194p.
 - 129 Kavar T., Brem G., Habe F., Sölkner J. et Dovic P. (2002) History of Lipizzan horse maternal lines as revealed by mtDNA analysis. *Genet.* 34, 635–648.
 - 130 Kayouli C., Jouany J.P, Dardillat C, Tisserand J.L., (1995). Particularités physiologiques du dromadaire, *Option Méditerranéenne* 13 p143-155
 - 131 Khanna, N. D., S. N. Tandon, and A. K. Rai, (1990). Reproductive status of Bikarneri camels managed under farm conditions. *Proceedings of the Workshop "Is it possible to improve the reproductive performance of the camel!?" Paris 10-12 Sep. 1990.* Pp 337-352.
 - 132 Khanna, N.D., A.K. Rai and S.N. Tandon. (2004). Camel Breeds of India. *J. Camel Science*. 1:8-15
 - 133 Köhler-Rollefson I. (2001). *Gestion à base communautaire de la diversité zoogénétique*. Publié par : Deutsche Gesellschaft für Technische Zusammenarbeit (GTZ) GmbH. P 32.
 - 134 Khorchani, T., M. Ismail, M. Hammadi, M. Moslah et M. Chemmem. (1996). Sauvegarde du dromadaire et amélioration de sa productivité : Bilan de principales recherches menées l'institut des régions arides de Médenine (Tunisie). *Revue des régions arides N° spécial.* : 368-376.
 - 135 Khouri, F., (2000). Camel in Sudan: Ecology, production systems, characterization and herd dynamics. *The Camel Applied Research and Development Network (CARDN)*. The Arab Center for Studies of Arid Zones and Dry Land (ACSAD). *CARDN/ACSAD/ Camel/ P 96/ 2000*. 137 pp.
-

- 136 Kimura M. (1983) A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*. 16, 111–120.
- 137 Klungland H., Vage D. I., Gomez–Raya L., Adalsteinsson S. et Lien S. (1995) The role of melanocyte stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination. *Mammalian Genome*. 6, 636–639.
- 138 Knoess. K.H, A. J. Makhudum, M. Rafiq and M. Hafeez. (1986), Milk production potential of dromedary, with special reference to the province of Punjab, Pakistan. *World Anim. Rev.* 57:11–21, FAO, Rome.
- 139 Konuspaveva, G. (2007). Variabilité physico-chimique et biochimique du lait des grands camélidés (*Camelus bactrianus*, *Camelus dromedarius* et hybrides) au Kazakhstan. Thèse de Doctorat, 256p, Université Montpellier II, France.
- 140 Lagziel, A., S. DeNise, O. Hanotte, S. Dhara, V. Glazko, A. Broadhead, R. Davoli, V. Russo and M. Soller. (2000). Geographic and breed distribution of an Msp I PCRRFLP in bovine growth hormone (bGH) gene. *Animal Genetics*. 31: 210-213.
- 141 Landais, E. (1987). Recherche sur les systèmes d'élevage. Questions et perspectives. Document de travail de l'INRA-SAD : 68 p.
- 142 Langella O. (2002) Population genetic software, POPULATIONS 1.2.30. <http://bioinformatics.org/~tryphon/populations>.
- 143 Lasnami. K, (1986), Le dromadaire en Algérie perspective d'avenir 19. Thèse de magister en science agronomique ; option production animale INA El Harrach.
- 144 Lee M. A., Keane O. M., Glass B. C., Manley T. R., Cullen N. G., Dodds K. G., McCulloch A. F., Morris C. A., Schreiber M., Warren J., Zadissa A., Wilson T. et Mcewan J.C. (2006) establishment of a pipeline to analyse non-synonymous SNPs in *Bos Taurus*. *BMC. Genomics*. 7, 298.
- 145 Leroy G., Danchin Burge C., Meriaux J.C., Verrier E., Rognon X. (2008) Diversité et relations génétiques entre les races de chevaux élevées en France, conséquences pratiques pour la gestion des races. In 35eme journées de la recherche équine, les Haras Nationaux. Le Pin-au- Haras. 141–160.
- 146 Le Houerou, H.N. (2005). Problèmes écologiques du développement de l'élevage en région sèche. *Sécheresse*. 16 : 89
- 147 Levinson G. et Gutman G. A. (1987) Evidence for two independent domestications of cattle. *Proceedings. Molecular Biology and Evolution*. 4, 203–221.
- 148 Lhost, P. (2004). Pastoralisme et désertification. Quel avenir pour les sociétés pastorales sahéliennes? (Conférence donnée à l'Agropolis Museum le 8 octobre 2004). La 53 ème réunion de la Fédération européenne de Zootechnie (FEZ), Egypte septembre 2002. Les systèmes d'élevage des zones sèches. Les conditions de la durabilité.
-

- 149 Lhote. H, (1987), Chameau et dromadaire en Afrique du nord et u Sahara recherche sur leurs origines. Pris. Edit. 1987, France, P162.
- 150 Longo-Hammouda F. H., Toumi K., Mouats A. et Benlamnouar N. (2011), *Algerian journal of arid environment*. Contribution à la connaissance de la population cameline femelle «Tergui» dans la wilaya de Tamanrasset. vol. 1, n° 1, Janvier 2011: 70-76
- 151 Lush, J.L. (1948). The Genetics of Populations. Mimeo. Iowa State University, cited by www.ansi.okstate.edu/breeds/ "Breeds of Livestock" page of the department of Animal Science – Oklahoma State University, Oklahoma, USA.
- 152 Macholán, M., Mikula, O. & Vohralík, V. (2008). Geographic phenetic variation of two eastern-Mediterranean non-commensal mouse species, *Mus macedonicus* and *M. cypricus* (Rodentia: Muridae) based on traditional and geometric approaches to morphometrics. *Zoologischer Anzeiger*, 247 : 67–80.
- 153 MADR, (1994), Statistiques agricoles, DSASI, MADR
- 154 MADRP (2014), Statistiques agricoles, DSASI, MADR
- 156 Mahgoub O, Olvey FH, Jeffrey DC. (1995), Growth and composition of the Omani Dhofari cattle. 1, Body weight growth and carcass composition. *Asian–Austral. J. Anim. Sci.*, 8, 611–616.
- 157 Marçais G. (1915), Huart Clément. Les Arabes en Berbérie du XI au XIVE siecle. In: *Journal des savants*. 13^e année, Décembre 1915. pp. 541-548. www.persee.fr/doc/jds_0021-8103_1915_num_13_12_4483
- 158 Marzouk. M. EL Anka. (2003), science et techniques N°68. 2003 pp14.1
- 159 Maudet, C. (2001). Diversité et caractérisation génétique des races bovines et caprines originaires de la région Rhône-Alpes. Thèse de doctorat, Université Joseph Fourier, Grenoble France.
- 160 Mburu, D.N., J.W. Ochieng, S.G. Kuria, H. Jianlin, B. Kaufmann, O. Reger and O. Hanotte. (2003). Genetic diversity and relationships of indigenous Kenyan camel ppopulations: implications for their classification. *Animal Genetics*. 34: 26-32.
- 161 Mehta S.C., Mishra B.P. & M.S. Sahani, (2006), breeds using random oligonucleotide primers
- 162 Miller S.A., Dykes D.D., Polesky H.F. (1988) A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research*. 16, 1215
- 163 Moallin A.S.M et Mohamud H.M, (1990). Observations on reproductive performance of the dromedary in Central Somalia. *Proceedings of the Workshop "Is it possible to improve the reproductive performance of the camel?"* Paris 10– 12 Sep.1990. pp 367-377.
-

- 164 Morgante, M and A. M. Olivieri. (1993). PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. *The Plant Journal*. 3: 175-182.
- 165 Moslah, M et F. Megdiche. (1989). L'élevage camelin en Tunisie. *Options Méditerranéennes*. 2 :33-36.
- 166 Moslah, M. (1990). L'amélioration de la productivité du dromadaire en Tunisie par la séparation précoce du chamelon et l'allaitement artificiel. Allocution d'ouverture. Atelier peut-on améliorer les performances de reproduction des camélins ? Paris 10-12 Septembre 1990.
- 167 Moura, (2002), Méthodes phylogénétiques: de la systématique en biologie et de ses applications en phylogénie (stémomatologie) et en linguistique historique. Ed. Informa. Et Metho. Mathématique, Mémoire licence Université Lausanne, PP 20-39.
- 168 Mullis K., (1990), the unusual origin of the polymerase chain reaction, *scientific American*, 56-65
- 169 Musa H L (1990) Development and use of animal drawn implements in Nigeria. In: Gefu J O and Otchere E O (editors) Draught animal power research and development in Nigeria. NAPRI, Shika, Zaria, 102-119
- 170 Narjisse, H. (1989). Nutrition et production laitière chez les dromadaires. *Options Méditerranéennes -Série Séminaires*. 2 : 163-166.
- 171 Nei M. (1972) Genetic distance between populations. *American Naturalist*. 106, 283–292.
- 172 Nei M. (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*. 89, 583–590.
- 173 Nei M. (1987) *Molecular evolutionary genetics*. Colombia University Press, New York. USA. 70, 3321–3323.
- 174 Nei M., Roychoudhury A.K. (1974) Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*. 76, 379–390.
- 175 Newman DJ, Cragg GM, Snader KM, (2003), Natural products as sources of new drugs over the period 1981-2002. *J Nat Prod*. 2003 Jul;66(7):1022-37. et al, 2003,
- 176 Nijman I.J., Otsen M., Verkaar E.L., Ruijter C., Hanekamp E. (2003) Hybridization of banteng (*Bos javanicus*) and zebu (*Bos indicus*) revealed by mitochondrial DNA, satellite DNA, AFLP and microsatellites. *Heredity*. 90, 10–16.
- 177 Ogden, R.C., and Adams, D.A., Electrophoresis in agarose and acrylamide gels. *Meth. Enzymol*. 152, 61-87, (1987)
- 178 Oldenbroeck, J. K. (ed.) (1999). *Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources*. DLO Institute for Animal Science and Health. Lelystad, the Netherlands. 1999, 119 p.
- 179 Ollivier L., Chevalet C., Foulley J.-L., (2000). In : "Génétique moléculaire : principes et applications
-

aux populations animales”, INRA Productions Animales, no spécial, 247-252

- 180 ONS, Office National des Statistiques (2013), Source : Banque Africaine de Développement, 2013. Source. Adapté de: World Economic Forum, « The Global Competitiveness Reports », Full Data Edition, 2000 à 2013. PAM, « Etude d’impact des Prix des Produits Alimentaires de Bases sur les Ménages Pauvres Algériens », Bureau Régional au Caire, Octobre, 2008, p 13.
 - 181 Ould Ahmed M. (2009^a). Caractérisation de la population des dromadaires (*Camelus dromedarius*) en Tunisie. Thèse de doctorat en sciences agronomiques. Institut national agronomique de tunisie. 6 novembre 2009, Carthage, http://camelides.cirad.fr/fr/science/pdf/These_ouldahmed.pdf.
 - 182 Ould Ahmed M., Ben Salem F., Bedhiaf S.& Djemali M., (2009^b). Camel genetic resources in Tunisia. In: *Proceeding of the 2nd Conference of the International Society of Camelid Research and Development, 12-14 March, Djerba, Tunisia, 2009.*
 - 183 Ould Ahmed M, Ben Salem F, Bedhiaf S & Djemali M, (2010). Analyse moléculaire de la diversité génétique des dromadaires (*Camelus dromedarius*) en Tunisie, *BASE* [En ligne], numéro 3, Volume 14 (2010), 399-408 URL : <http://popups.ulg.ac.be/1780-4507/index.php?id=5657>.
 - 184 Ouled Taleb MH., (1999), Généralité sur l’élevage du dromadaire en Mauritanie FAO EMPRES-GCP/INT/65/NR
 - 185 Ould Taleb. M. El. H, (2000). Généralités sur l’élevage du dromadaire en Mauritanie. Rapport FAO—EMPRES-GCP/INT/651/NOR, 2000.
 - 186 Ouled Belkhir A. (1993), cité par AYAD M.A, (1996).
 - 187 Ouragh L., Meriaux J.C., Braun J.P. (1994). Genetic blood markers in Arabian, Barb and Arab–Barb horses in Morocco. *Animal Genetics*. 25, 45–47.
 - 188 Pacholek, X., R. Lancelot, M. Lesnoff et S. Messad. (2000). Performances de croissance des chamelons élevés dans la zone pastorale nigérienne *Revue Élev. Méd. vét. Pays trop.*, 53 : 189-197.
 - 189 Paetkau D., Slade R., Burden M., Estoup A. (2004) Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Mol Ecol*. 13, 55–65.
 - 190 Paetkau D., Slade R., Burden M., Estoup A. (2004) Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Mol Ecol*. 13, 55–65.
 - 191 Pareira .S , J. Fernández-López , J. Moreno-González (1996), Variability and grouping of north Western spanish chestnut cultivars I, Morphological traits. *J. Soc.Hort.Sci.* 212(2), P183-189.
 - 192 Parker H.G., Kim L.V., Sutter N.B., Carlson S., Lorentzen T.D., Malek T.B., Johnson G.S., DeFrance H.B., Ostrander E.A., Kruglyak L. (2004) Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science*.
-

304, 1160–1164.

- 193 Paugy, D. & Leveque, C. (1999). Taxinomie et systématique. *In* : Leveque, C. & Paugy, D. (éds.). Les poissons des eaux continentales africaines : Diversité, Ecologie, Utilisation par l'Homme. Edition IRD : 97-120.
- 194 Pellegrini, P. (1999). De l'idée de race animale et de son évolution dans le milieu de l'élevage. Association des ruralistes français.5. Ruralia n° 1999-05, Varia.
- 195 Phillip A. Sharp, Bill Sugden, Joe Sambrook, (1973). Detection of two restriction endonuclease activities in *Haemophilus parainfluenzae* using analytical agarose-ethidium bromide electrophoresis, *Biochemistry*, 1973 12(16):3055–3063.
- 196 Piry S., Alapetite A., Cornuet J. M., Paetkau D., Baudouin L., Estoup A. (2004) GeneClass2 : A Software for Genetic Assignment and First-Generation Migrant Detection. *Journal of Heredity*. 95, 536–539.
- 197 Pitel, F et J. Riquet. (2000). Les marqueurs anonymes et la détection de leur polymorphisme. *INRA Production Animale*, hors série : 45-53.
- 198 Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*. 155, 945–959.
- 199 Quezal. P, (1965), La végétation du Sahara du Tchad à la Mauritanie. Ed. Masson & cie. Paris. 336P.
- 200 R Development Core Team. (2011) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN3–900051–07–0, URL <http://www.R-project.org/>.
- 201 Ramet, J.P. (1993). La technologie des fromages au lait de dromadaire (*Camelus dromedarius*). *FAO production et santé animales*. 113.
- 202 Randi, R., G. Fusco, R. Lorenzini, S. Toso et G. Tosi. (1991). Allozyme divergence and phylogenetic relationships among *Capra*, *Ovis* and *Rupicapra* (*Artiodactyla*, *Bovidae*). *Heredity*. 67: 281-286.
- 203 Rannala B., Mountain J.L. (1997) Detecting immigration by using multilocus genotypes. *PNAS*. 94, 9197–9201.
- 204 Raymond M., Rousset F. (1995) GENEPOP (version 1.2). Population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity*. 86, 248–249.
- 205 Rege J.E.O. (1992) Background to ILCA's animal genetic resources characterization project, objectives and agenda for the research planning workshop. Research planning workshop. International Livestock Centre for Africa. Addis Ababa, Ethiopie, 55–59.
- 206 Rege, J. E. O and J. P. Gibson. (2003). Animal genetic resources and economic development: issues in relation to economic valuation. *Ecological Economics*. 45: 319-330.
-

- 207 Reynolds J. - Weir B. - Cockerham C. (1983) Estimation for the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*. 105, 767–779.
- 208 RGA n (2003), Rapport national sur les ressources génétiques animales : Algérie, 2003, P 46.
- 209 Rice W.R. (1989) Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*. 43, 223–225.
- 210 Richard D., (1980), Le dromadaire: de la légende à la production. In revue *Afrique Agriculture*. N° 63. pp. 18-20.
- 211 Richard D, (1985), Le dromadaire et son élevage IEMVT. édition Maison Alfort, France, P170.
- 212 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
- 213 Rollefson K., (1991) , *Camelus dromedarius* in *Mammalian Species* no 375
- 214 Ruane, J. (1999). A Critical review of the value of genetic distance studies in conservation of animal genetic resources. *J. Anim. Breed. Genet.* 116: 317-323.
- 215 Ruane, J. (2000). A Framework for Prioritising Domestic Animal Breeds for Conservation Purposes at National Level: a Norwegian Case Study. *Conservation Biology*. 14:1385-1393.
- 216 Rubin R. (1967). Attainment of the maternal role: Part I. Processes. *Nursing Research*. 1967a;16(3):237–245. Attainment of the maternal role: Part II. Models and referents. *Nursing Research*. 1967b;16 (4):342–346.
- 217 Saint-Martin, G., A. Maillard, F. Roy et B.E. Musa. (1990). Performances de reproduction des camelins en milieu naturel : exemple d'une enquête dans le Butana, au Sudan. Allocution d'ouverture. Atelier peut-on améliorer les performances de reproduction des camelins ? Paris 10-12 Septembre 1990.
- 218 Saitou N., Nei M. (1987) The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol.* 4, 406–425.
- 219 Saley, M. 1990. Performances de reproduction du dromadaire (*Camelus dromedarius*) au Niger. Atelier peut-on améliorer les performances de reproduction des camelins ? Paris 10-12 Septembre 1990.
- 220 Samman, M.A., A.A. Al-Saleh and K. Sheth. (1993). The Karyotype of the Arabian Camel, *Camelus dromedarius*. *J. King Saud Univ., Science*. 5: 57-64.
- 221 Schwartz, H. J. and Dioli, M. (eds.) (1992). *The One-humped Camel (Camelus dromedarius) in Eastern Africa: A pictorial guide to diseases, health care and management*. Verlag Josef Margraf, Weikersheim, Germany.
-

- 222 Seboussi, R., B. Faye et G. Alhadrami. (2004). Facteurs de variation de quelques éléments trace (sélénium, cuivre, zinc) et d'enzymes témoins de la souffrance musculaire
- 223 Sgheir, (2005). Camel production systems In Africa ICAR Technical Series n°11. p.19-30.
- 224 Shambrook Joseph, David William Russell, (2001). Molecular cloning a laboratory manual 3rd ED, Cold Spring Harbor Laboratory Press, spring harbory, NY United States. - 2344 pages.
- 225 Shareha (1990^{a b}). دراسة مقدمة إلي المؤتمر الدولي للآيل المنعقد بطبرق 10 - 13 الكانون والإبل حيوان اللحم 1990
واللبن
1990 - دراسة أولية عن إمكانية تصنيف ابل الوطن العربي حسب الإنتاجية^b
- 226 She, J.X., Autem, M., Kotulas, N., Pasteur, N., and Bonhomme, F. (1987). Multivariate analysis of genetic exchanges between *Soleaaegyptiaca* and *Soleasenegalensis*. Biological Journal of the Linnean Society. 32, 357–371.
- 227 Sillence, M. N. (2004). Technology for the control of fat and lean deposition in livestock. The Veterinary J. 167: 242-257.
- 228 Simpson, (1954) in Wilson, 1984.
- 229 Slatkin M., Barton N. H. (1989) A comparison of three indirect methods for estimating the average level of gene flow. Evolution. 43, 1349–1368.
- 230 Slatkin M. (1985) Gene flow in natural populations. Annual Review of Ecology and Systematics. 16, 393–430.
- 231 Sneath, P. H. A., & sokal, R. R. (1973). Numerical taxonomy. The Principles and Practice of Numerical Classification. Freeman W. H., San Francisco, 573p.
- 232 Sokal G.G., Michener C.D. (1958). A statistical method for evaluating systematic relationships. Kans. Univ Sci Bull. 28, 1409–1438.
- 233 Sokal, R. R. & ROHLF, F. J. (1995). Biometry. The principles and practice of statistics in biological research. W. H. Freeman & Company, New York, 887p.
- 234 Sooud A.E. (1989). Feed and water intake, digestibility and nitrogen utilization by camels compared to sheep and goats fed low protein desert by products: Dans "Actes du Séminaire sur la Digestion, la Nutrition et l'Alimentation du Dromadaire". J.L. Tisserand, ed., Ouargla, Algérie, 28 Février - 1 Mars 1988, Options Méditerranéennes A(2) : 75-81.
- 235 Souad, A.O, S. AL - Motairy - Hashimi, (1988). Camels in Saudi Arabia, camel news letter N°4 décembre 1988. P13-16.
- 236 Stockwell, C. A., A. P. Hendry, M. T. Kinnison (2003). Contemporary evolution meets conservation biology. *Trends in Ecology and Evolution* (18) : 94-101.
- 237 Takezaki N., Nei M. (1996). Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from

- microsatellite DNA. *Genetics*. 144, 389–399.
- 238 Toro M.A., Caballero A. (2004) Characterization and conservation of genetic diversity between breeds. 55th EAAP Annual meeting, Bled, Slovenia.
- 239 Verrier E., Moureaux S., Tribout T., Delaunay I., Palhière I., Rochambeau H., Colleau J.J. (2005) Overview of the genetic variability in French selected livestock populations and management approaches. Options and strategies for the conservation of farm animal genetic resources, Agropolis international workshop, Montpellier.
- 240 Vignal A., Milan D., SanCristobal M. et Eggen A. (2002) A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics Selection Evolution*. 34, 275–305.
- 241 Vos P., Hogers R., Bleeker M., Van De Lee T., Hornes M., Frijters A., Pot J., Peleman J., Kuiper M. et Zabeau M. (1995) AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research* 23, 4407–4414.
- 242 Wang R.L., Stec A., Hey J., Lukens L., Doebley J. (1999) The limits of selection during maize domestication. *Nature*. 398, 236–239.
- 243 Ward, J. H., (1963). Hierarchical grouping to optimize an objective function. *Journal of the American Statistical Association*, 58: 236-244.
- 244 Wardeh, M. F. (2004). Classification of the Dromedary Camels. *J. camel Science*, 1: 1-7. Weber, J. L. 1990. Informativeness of human (dC-dA)_n-(dG-dT)_n polymorphisms. *Genomics*. 7 : 524-530.
- 235 Weir B.S. Cockerham C.C. (1984). Estimating F–statistics for the analysis of population structure. *Evolution*. 38, 1358–1370.
- 236 Wikipédia, (2016). Encyclopidié libre 2016, <https://fr.wikipedia.org/wiki/2016>
- 236 Williams, J. G. K, A. R. Kubelik, J. Livak, J. A. Rafalski and S. V. Tingey. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic makers. *Nucleic Acids Research*. 18: 6531-6535.
- 237 Williamson G. et Payne W.J.A. (1978) An Introduction to Animal Husbandry in the Tropics. *Journal d'agriculture traditionnelle et de botanique appliquée Année 1978 Volume 25 Numéro 4 pp. 293-294.*
- 238 Wilson RT, (1989), The one humped camel in the world, *Options Méditerranéennes-Série séminaire* 2-p15-17.
- 239 Wilson RT., (1998), the tropical agriculturalist Camel. Macmillan Education Ltd. London and Basingstoke.
- 240 Wright S. (1931) Evolution in mendelian populations. *Genetics*. 16, 97–159.
- 241 Wright S. (1968) Evolution and the genetics of populations. University of Chicago Press, Chicago. 358–370.
-

- 242 Yang Y. H., Kim K.I., Cothran E.G et Flannery A. R. (2002) Genetic diversity of Cheju Horses (*Equus caballus*) determined by using mitochondrial DNA D-loop polymorphism. *Biochem Genet.* 40, 175–186.
- 243 Yousif O.KH. et Babiker S.A., (1989), The desert camel as meat animal, *Meat Science*, 26, issue 4, 245-354.
- 244 Zar, J. H., (1999). *Biostatistical Analysis*. 4th Edition. Prentice-Hall, Englewood Cliffs, New Jersey, 662p.
- 245 Zarrouk, A., O. Souilem et J. F. Beckers. (2003). Actualités sur la reproduction chez la femelle dromadaire (*Camelus dromedarius*). *Revue Elev. Méd. vét. Pays trop.* 56: 95-102.
-

ANNEXE 1

Questionnaire sur le les systèmes d'élevages camélins dans la wilaya de Tamanrasset**Wilaya : Tamanrasset**

Daira :

Commune :

Zone :

I- IDENTIFICATION :**1-1 Propriétaire ou éleveur**

- Nom :
- Prénom :
- Adresse :
- Age :

II- le troupeau camelin

- Signe tribal :
- Origine du troupeau :
- Acquisition du troupeau :
Achat : héritage : donation : autre :

8- A qui appartient-il ?

Lui-même : fonctionnaire : gros propriétaire : commerçant : autre :
les quelles ?

9- composition du troupeau :

- Taille du troupeau camelin :
Nombre :

Dont femelle :

Nombre de male reproducteur :

2-3 Utilisation de l'animal :

- A quoi utilisez-vous les animaux ?
 - Transport :
 - Bat :
 - Selle :
-

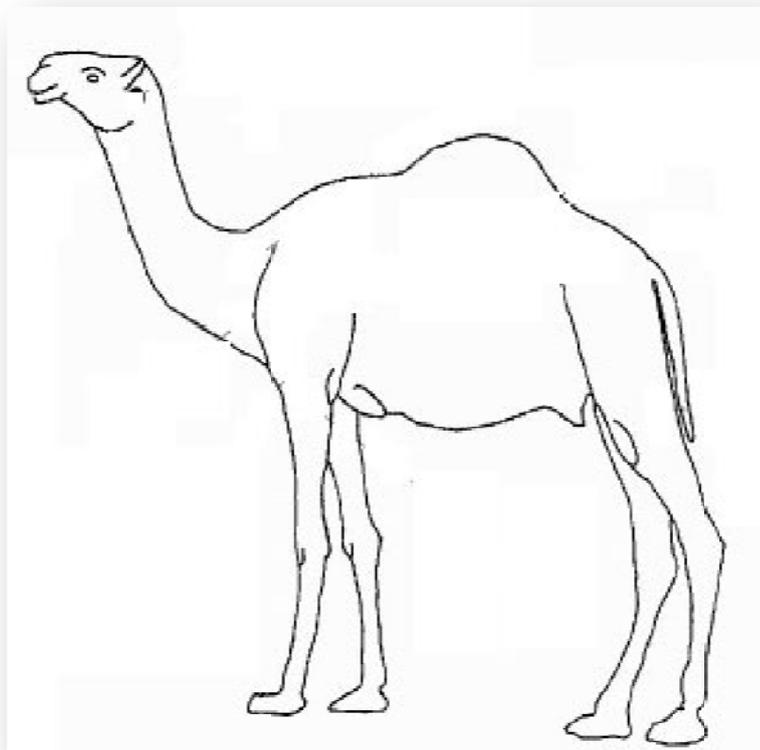
Caractéristique de l'animal (Mesures biométriques)

Population :

Race ou phénotypes :

- Hauteur a la poitrine (HP) :
- Hauteur au Garrot (HG) :
- Hauteur au Genou (Hge) :
- Hauteur à la Bosse (Hbo) :
- Hauteur au bassin (Hba) :
- Hauteur à la croupe (HCr) :

- Longueur du Corps (LCp) :
- Longueur du Tronc (LTr) :
- Longueur au Bassin (Lba) :
- Longueur de la tête (Lte) :
- Longueur des oreilles (LO) :
- Longueur du cou (Lco) :
- Longueur de la queue (LQ) :
- Longueur de Gigot (LGi) :
- Longueur à la charge (LCh) :
- Longueur au tranchanter (LTra) :



- Profondeur de poitrine (PP) :
 - Tour à la bosse (Tbo) :
 - Tour à la poitrine (TP) :
 - Tour au sternum (TSt) :
 - Tour au canon (TCa) :
 - Tour au coussinet (Tcou) :
 - Tour de bas de ventre (TVB) :
 - Distance entre les trayons (DT) :
 - Distance diagonale entre les trayons (DDT) :
-

ANNEXE 2

EXTRACTION D'ADN PAR LA TECHNIQUE STRATAGENE**Jour 1**

- Décongeler les prélèvements à **température du laboratoire**

-QSP **50 ml** avec la Solution de Lyse des Rouges 1X (**SLR**) (100 ml SLR 10X + 900 ml ED)

Mélanger par retournements

Agitation **10 mn sur le Rotamix, de 20 trs/mn**

Centrifuger **6 mn à 4°C, 3000 trs/min**

Vider les surnageants

-Recommencer **1ou 2 fois encore le lavage, vider le surnageant**

-**Laver les culots avec la 15 ml de la solution suivante:**

* 2.5 ml de la solution 1

* 5 ml d'eau

* 7.5 ml de SLR 1X

Agitation sur **le rotamix pendant 10 mn**

Centrifuger **6 mn à 4°C, 3000 trs/min** Refaire un lavage si nécessaire

Vider les surnageants (au maximun, si le culot ne se détache pas retourner le falcon sur papier)

-Reprendre les culots avec **1,5 ml de solution 2**(avec p1000)

-Ajouter **4 µl de pronase**(protéinase K 225ng/µl) (avec p10)

-**Remise en suspension les culots** avec une **pipette Pasteur** stérile

Incuber une nuit à 37°C, au bain-marie

Jour 2

-Laisser les tubes **15 min à température ambiante**

-Mettre les tubes **10mn dans la glace**

-Ajouter **500µl de solution 3** dans chaque falcon

Agiter et bien homogénéiser, laisser dans la glace pendant environ **30 min**

-Répartir **1.5 ml/ eppendorf**(soit 2 eppendorfs par échantillons)

Centrifuger **15 mn à 4°C, 10000 trs/min** (centrifugeuse à Rotor fixe)

-Mettre **2 µl de Rnase** (à -20°C) dans **falcon 15ml**

Transférer les surnageants dans les falcons contenant la Rnase et agiter

Incuber **15 mn à 37°C, au B.M**

-Ajouter **4 ml d'éthanol absolu** à -20°C (distributrice)

Agiter doucement par retournements

Laisser à -20°C pendant 1 à 2 heures

-**Laver les méduses** à l'aide **d'une pipette pasteur** dans deux bains d'éthanol à 70°

- puis un bain **d'éthanol absolu**

-Déposer la **méduse dans un eppendorf**

Sécher pendant 30 mn

Réhydrater par du TE 1X. Tapoter l'eppendorf pour agiter.

Laisser se réhydrater à 4°C

SLR 10X : pour 2l

TrisHCl 4.228 g

MgCl₂·6H₂O 20.33 g

NaCl 11.688 g

Ajuster le pH=7.6

Autoclaver

ANNEXE 3 : Tableau 1 : Valeurs Moyennes des variables quantitatives chez la population cameline « TERGUI » cas «Localités».

Variables	Tamanrasset	Izernene	Asskrem	Tin-Amzi	Tarahnent	Izerzi	In-Amguel	Hirafok	Silet	Abalessa	Tin-Tarabine
HP	108±5,96	111±8,53	115±2,91	106±10,22	107±6,86	109±8,09	111±6,70	111±6,90	111±6,24	109±5,54	119,01±
HG	188±10,02	172±14,17	187±10,20	171±18,73	176±19,86	183±12,59	185±12,09	173±16,99	189±14,21	191±11,79	178,06±
Hge	58±3,70	56±2,56	58±1,72	53±3,50	57±2,60	59±4,67	57± 3,49	57±2,74	58±3,48	58±3,51	52,53±
Hbo	200±14,96	194±3,87	184±18,43	183±10,33	195±12,30	196±15,42	196±15,87	195±7,68	205±11,81	204±14,75	177,12±
Hba	177±7,73	174±9,13	182±6,54	168±6,76	174±9,65	177±7,43	177±8,89	177±6,63	179±9,03	178±10,47	150,51±
HCr	152±8,05	150 ±8,75	157±6,55	141±9,87	146±8,84	150 ±8,42	151±8,86	149±10,47	151±9,86	153±8,35	142,02±
LCp	155±9,18	155±8,32	162±8,06	148±10,97	149±8,56	155±7,79	155±12,91	154±9,09	157±10,78	157±10,76	140,84±
LTr	91±6,11	92±7,14	92±6,75	88±6,63	87±5,70	91±8,57	91±9,24	91±8,44	92±7,94	92±7,11	91,06±
Lba	40±2,66	40±3,79	40±2,43	37±3,44	40±1,51	38±2,90	39±3,14	39±2,89	40±2,55	39 ±2,95	40,00±
Lte	57±3,58	58±2,99	60±2,66	55±6,10	55±3,59	60±5,09	58±4,98	59±4,00	59±4,81	58±4,29	59,82±
LO	11±1,10	12±0,96	11±1,24	11±0,98	11±1,53	11±1,32	11±1,21	12±1,15	11±1,07	11±1,32	10,34±
Lco	125±10,90	133±5,30	125±11,37	126±7,87	120±11,34	125±9,23	127±10,98	126±12,29	128±10,72	126±10,24	102,40±
LQ	60±5,20	65±6,04	60±4,99	59±4,95	58±5,30	63 ±6,46	61±4,75	62±7,19	61±5,86	60±4,18	58,59±
LGi	32±2,46	35±2,57	33±1,78	30±3,08	32±2,34	33±2,05	33±2,53	33±1,62	33±2,71	33±2,73	33,09±
LCh	32±3,90	33±4,63	31±3,67	29±4,66	28±5,34	29±4,58	32±3,80	32±5,38	31±3,91	32±3,76	31,28±
LTra	20±2,58	20±2,99	19±2,95	19±2,06	20±2,54	21±2,62	20±2,81	20±2,26	20±2,95	20±2,11	19,34±
PP	58±4,23	57±3,18	58±3,49	53±3,16	55±3,37	57±3,83	57±4,61	56±3,20	58±3,99	58±5,05	56,53±
Tbo	234±19,59	237±16,33	244±20,84	228±15,68	230±17,77	224±19,50	230±22,05	238±13,65	238±17,20	236±20,21	166,81±
TP	187±16,48	190±7,89	191±12,70	180±11,40	183±9,95	186±11,24	189±15,35	192±12,00	192±10,96	190±17,54	162,31±
TSt	205±11,26	209±10,09	205±12,90	195±11,77	202±15,44	203±12,69	202±14,01	206±13,86	208±11,83	208±16,33	159,42±
TCa	25±2,43	24±3,14	24±2,97	24±2,29	25±2,64	25±2,75	25±2,68	24,13±2,64	25±2,98	25±3,30	21,71±
Tcou	64±4,52	67±4,22	68±2,21	63±4,82	65±6,06	65±3,48	65±4,96	65,27±4,06	66±4,21	65±4,43	65,34±
TVB	180±17,44	181±12,34	187±9,28	175±20,86	182±16,53	174±14,57	176±18,27	181,73±20,4	183±14,44	182±15,70	181,07±
DT	9± 0,67	4± 1,25	3± 0,44	3± 0,52	3±0,69	3±0,61	3±0,78	3 ±0,29	2 ± 0,38	3± 0,91	12,82±
DDT	24± 3,74	11± 2,61	11± 1,27	8±3,49	9±4,4	7±3,87	10±4,51	9±2,75	6± 2,83	9 ± 3,95	19,43±
QL/j	11± 1,44	7± 1,21	6± 0,67	8± 1,78	6±0,98	6±0,98	7±1,63	6±0,85	6± 1,82	6± 1,38	24,89±
Pds	315,53±66,21	320±40,64	354±36,87	285±55,73	311±56,49	313±41,62	329±59,45	319±44,94	352±56,92	351±71,29	208,52±

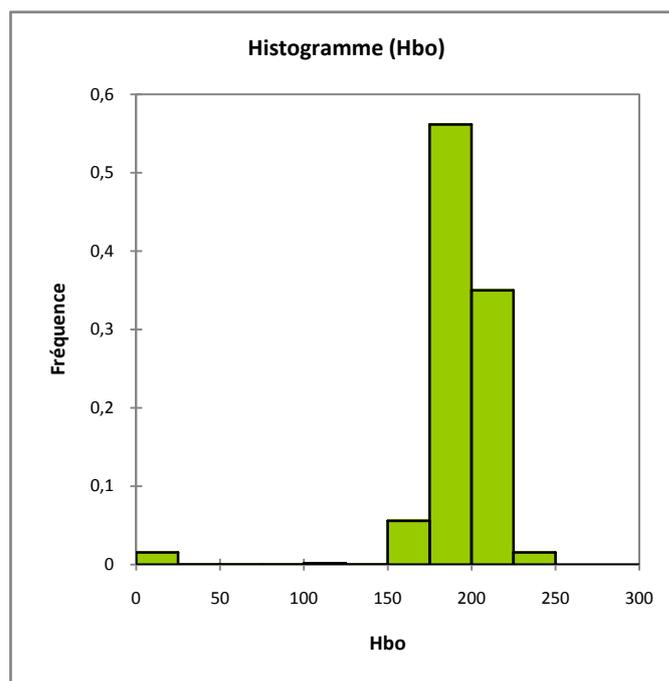
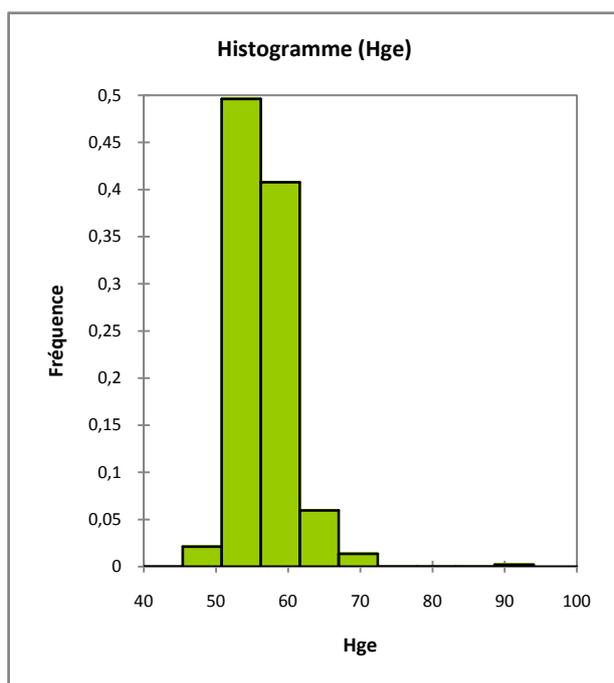
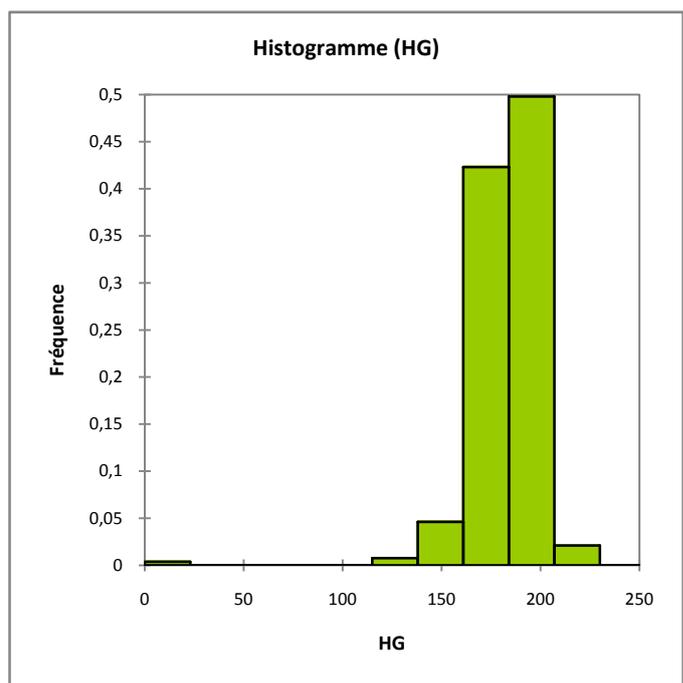
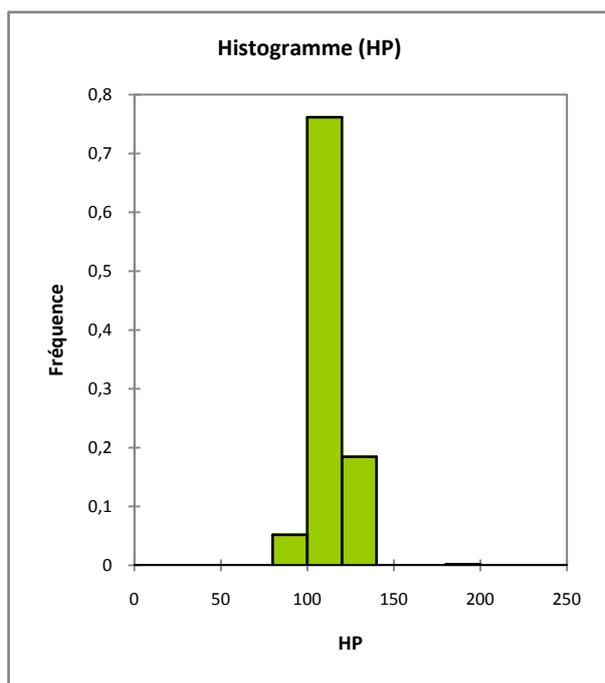
ANNEXE 3 : Tableau 2 : Valeurs des Moyennes des Variables Quantitatives chez la population cameline « TERGUI » cas formulé par «Phénotypes».

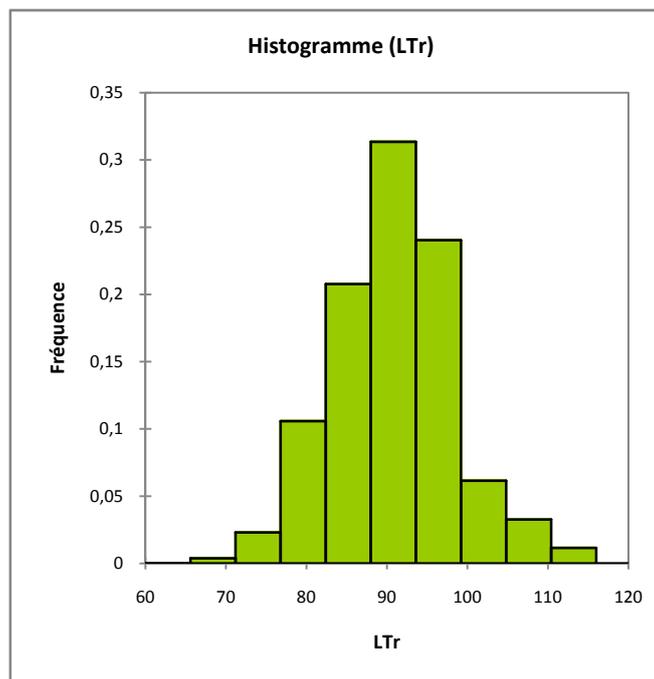
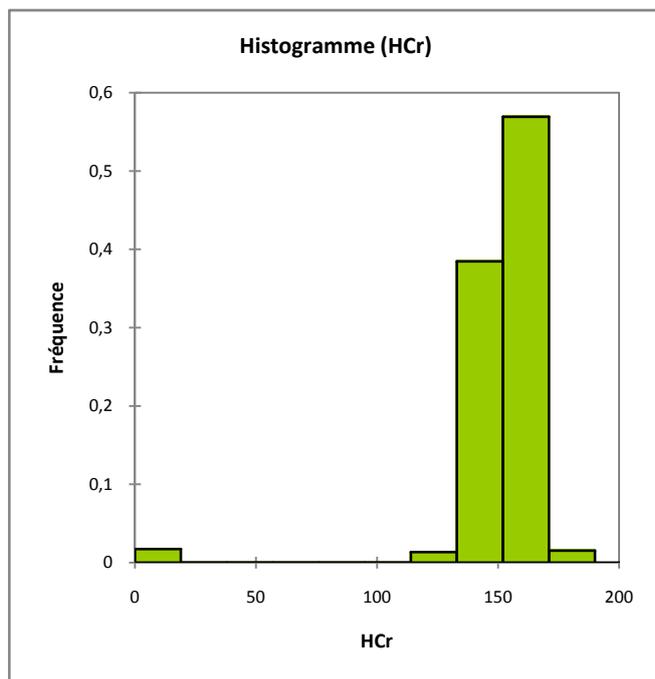
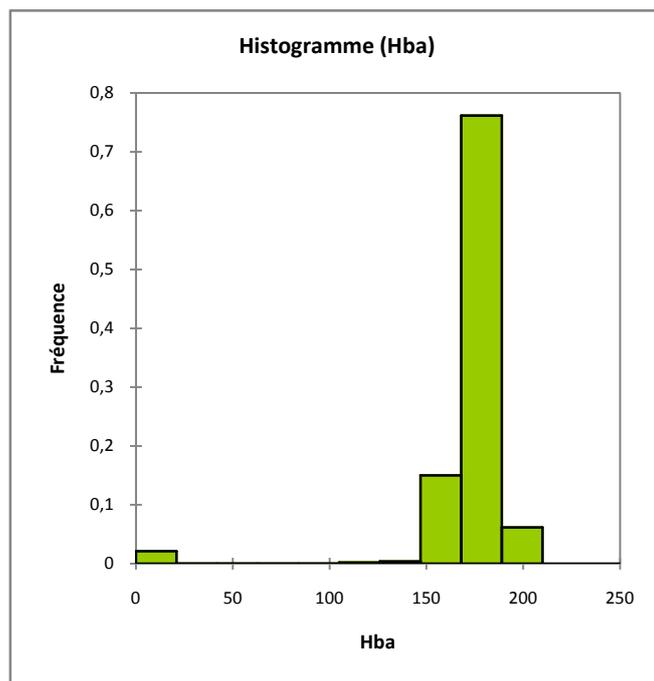
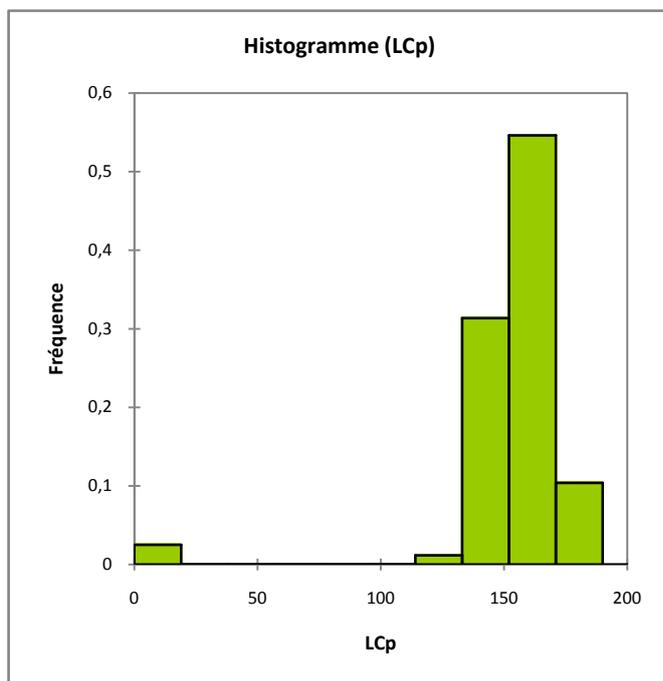
	Abahou		Alemlagh		Amellal		Atlagh		Azzerghaf		Moyenne Générale	
	N Actifs	Moyenne	N Actifs	Moyenne	N Actifs	Moyenne	N Actifs	Moyenne	N Actifs	Moyenne		
HP	156	114,60 ±5,58	58	108,40±6,82	190	114,04± 6,71	101	110 ±7,33	15	113,77±4,90	112,09 ± 6,64	
HG	156	187,30 ± 9,96	58	177,73±15,40	190	184,64±6,71	101	177 ±16,54	15	188,67±8,53	183,13 ± 14,02	
Hge	156	55,93 ±3,80	58	55,89±3,39	190	58,19±3,10	101	56 ±3,09	15	58,83±4,01	56,61 ± 3,48	
Hbo	156	192,23±16,93	58	196,27±13,56	190	191,75±16,60	101	194 ±10,40	15	203,80 ±9,53	195,42 ± 15,29	
Hba	156	170,38 ± 8,31	58	168,38±9,52	190	174,66±8,44	101	171±8,59	15	179,37±6,98	172,81 ± 8,82	
HCr	156	149,52±9,05	58	142,51±8,56	190	153,37±8,57	101	148 ±8,97	15	157,87±5,69	150,22 ± 9,03	
LCp	156	151,84±10,12	58	141,98±12,94	190	157,23 ±10,19	101	154 ±10,11	15	157,80±5,65	152,62 ± 10,59	
LTr	156	90,76 ±7,50	58	88,59±8,06	190	92,01±7,08	101	89 ±8,44	15	91,60 ±3,37	90,31 ± 7,62	
Lba	156	39,78 ±2,46	58	39,19 ± 3,95	190	39,65±2,20	101	39 ±3,32	15	38,73±2,69	39,36 ± 2,86	
Lte	156	59,21±4,03	58	57,55 ±4,97	190	58,91±3,93	101	58 ±5,00	15	60,73±4,55	58,78 ± 4,39	
LO	156	18,77 ±1,18	58	11,89 ±1,23	190	16,36±1,14	101	14 ±1,28	15	18,66±1,50	15,88 ± 1,20	
Lco	156	120,84 ±8,41	58	119,57±12,82	190	123,46 ± 9,73	101	118 ±11,15	15	126,27±7,80	121,64 ± 10,65	
LQ	156	55,96±4,97	58	61,31±5,48	190	58,08 ±4,93	101	59 ± 6,16	15	59,87±6,66	58,78 ± 5,38	
LGi	156	34,65 ±2,63	58	33,19 ±2,73	190	33,25 ±2,45	101	33 ±2,49	15	33,27±1,90	33,47 ± 2,59	
LCh	156	31,78 ±3,51	58	30,60 ±5,01	190	31,55 ±3,59	101	30 ±5,02	15	31,33 ±6,61	33,47 ± 4,25	
LTra	156	19,81±2,30	58	19,83 ±3,08	190	19,86±2,61	101	20 ±2,75	15	20,93±2,86	20,10 ± 2,64	
PP	156	57,04±3,66	58	56,74±4,63	190	57,27±3,76	101	56 ±5,25	15	58,80±4,38	57,21 ± 4,27	
Tbo	156	216,06±18,49	58	216,84±20,85	190	226,15±19,12	101	231 ±20,25	15	233,60±16,23	224,66± 19,75	
TP	156	183,72±15,92	58	186,19±12,55	190	184,87±13,64	101	184 ±14,29	15	192,80 ±10,78	186,29 ± 14,43	
TSt	156	192,70±13,34	58	198,78±14,05	190	200,24± 12,32	101	195 ±14,61	15	206,73±9,69	198,75 ± 13,33	
TCa	156	24,19 ±2,86	58	23,43±2,81	190	24,14 ± 2,55	101	25 ±2,97	15	24,27±3,09	24,13 ± 2,80	
Tcou	156	65,06±4,29	58	64,34±4,34	190	65,72 ± 4,45	101	65 ±4,90	15	66,80 ±2,12	65,40 ± 4,47	
TVB	156	179,44±14,47	58	181,17±19,90	190	181,98± 4,45	101	180 ±18,39	15	178,47±19,35	180,17 ± 16,44	
DT	21	9,64±0,78	58	13,49 ±0,97	46	12,08± 0,68	20	14 ±0,60	15	0,00±0,00	12,33 ± 0,75	
DDT	21	26,64±4,09	58	16,81 ±3,46	46	12,00± 3,52	20	13 ±3,80	15	0,00±0,00	17,23 ± 3,75	
QL/j	21	16,57±1,63	58	32,73±1,22	46	31,63± 1,27	20	30 ±1,07	15	0,00±0,00	27,77 ± 1,30	
Pds	156	278,48±61,27	58	256,35±53,53	190	293,25±56,66	101	272,12 ±59,30	15	309,38±52,40	282,12 ± 60,53	
T. général	156	30 %	58	11.15 %	190	36.53 %	101	19.42 %	15	2.88 %	520	100 %

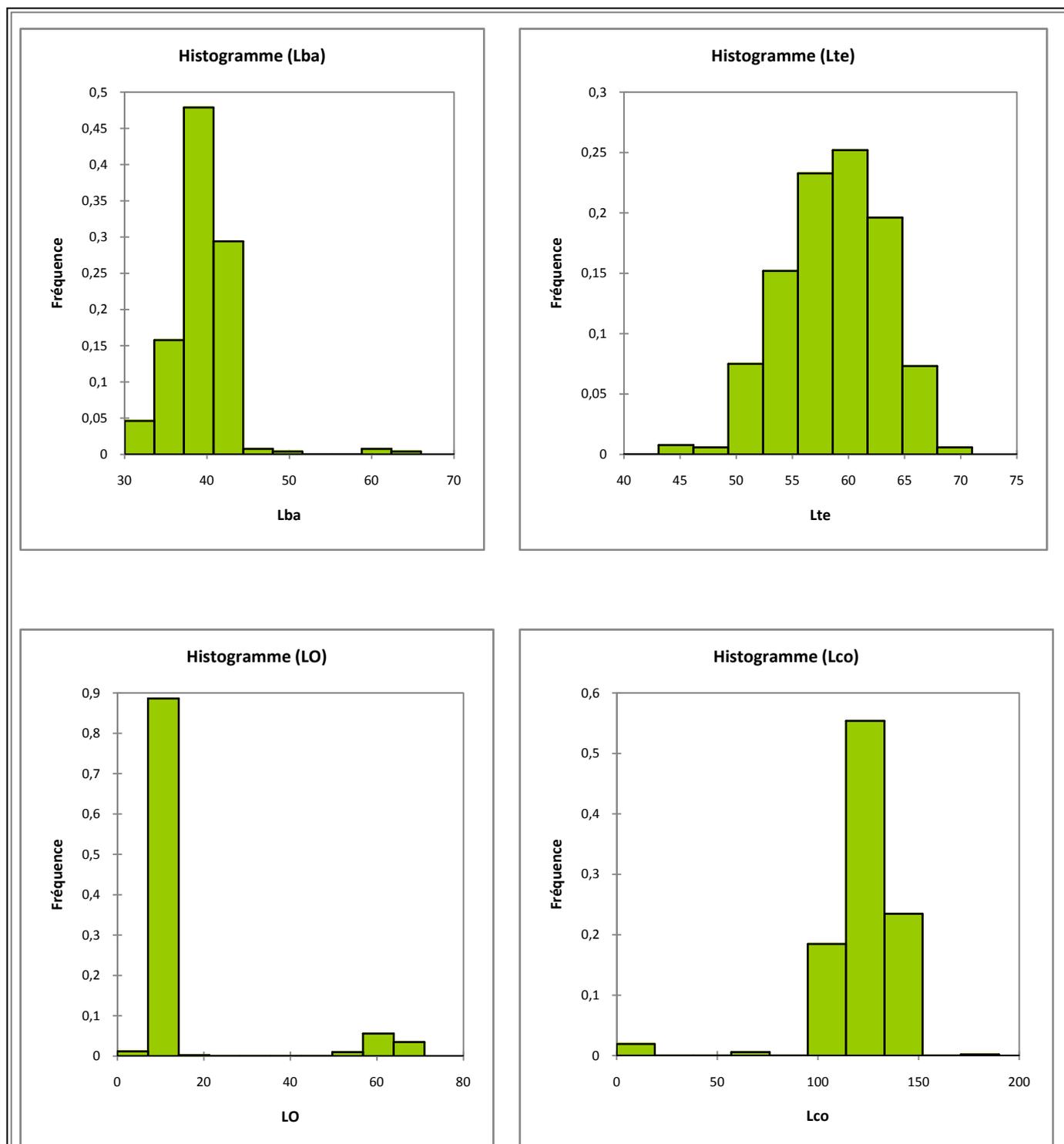
ANNEXE 3 : Tableau 3 : Valeurs des Moyennes des variables quantitatives chez la population cameline «TERGUI» cas formulées par «population».

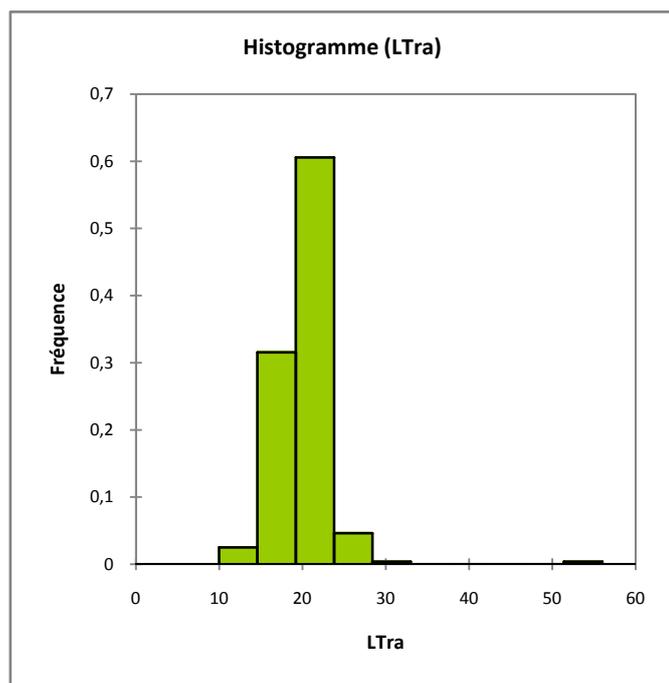
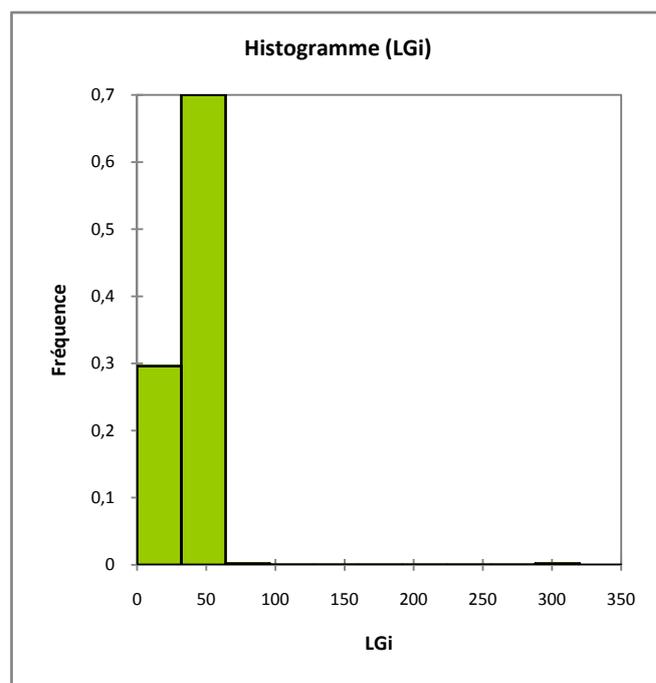
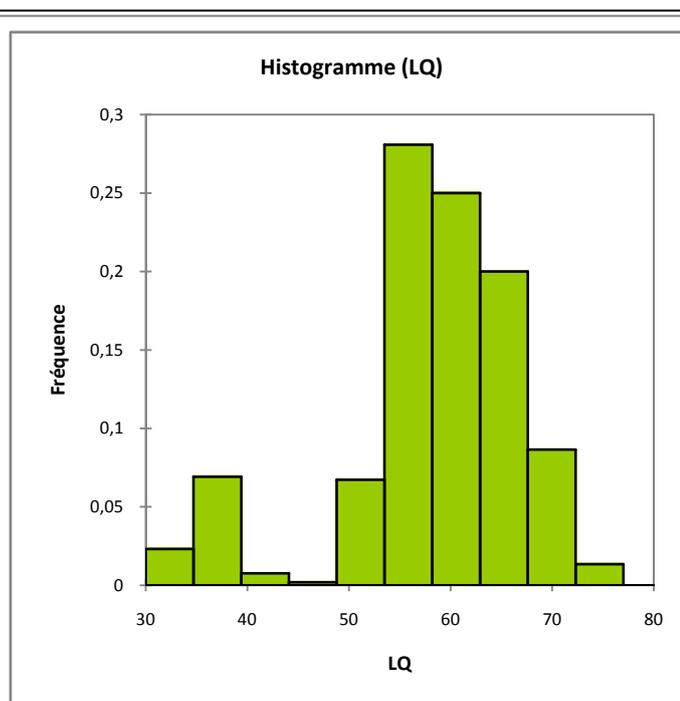
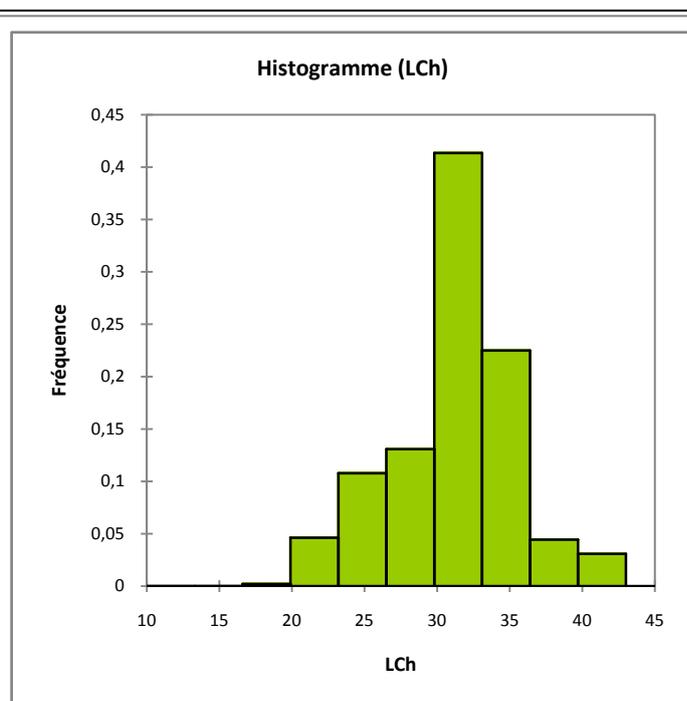
	Azerghaf		Mahri		Marouki		Moyenne Générale	
	N Actifs	Moyenne	N Actifs	Moyenne	N Actifs	Moyenne		
HP	15	113,77 ± 4,90	347	114,33 ± 6,28	158	109,07 ± 7,14	112,39 ± 6,64	
HG	15	188,67 ± 8,53	347	158,83 ± 10,74	158	177,44 ± 16,10	183,98 ± 14,02	
Hge	15	58,83 ± 4,01	347	56,41 ± 3,39	158	55,84 ± 3,20	57,03 ± 3,48	
Hbo	15	203,8 ± 9,53	347	191,95 ± 17,04	158	194,54 ± 11,51	196,76 ± 15,29	
Hba	15	179,37 ± 6,98	347	172,70 ± 8,36	158	170,26 ± 8,99	174,11 ± 8,82	
HCr	15	157,80 ± 5,69	347	151,65 ± 8,75	158	145,83 ± 8,80	151,78 ± 9,03	
LCp	15	157,8 ± 5,65	347	154,84 ± 10,14	158	149,67 ± 11,11	154,10 ± 10,59	
LTr	15	91,6 ± 3,37	347	91,44 ± 7,24	158	88,58 ± 8,28	90,54 ± 7,62	
Lba	15	38,73 ± 2,69	347	39,71 ± 2,30	158	39,35 ± 3,52	39,26 ± 2,86	
Lte	15	60,73 ± 4,55	347	59,03 ± 3,97	158	57,53 ± 3,52	59,10 ± 4,39	
LO	15	18,66 ± 1,50	347	17,42 ± 1,16	158	13,06 ± 1,26	16,38 ± 1,20	
Lco	15	126,27 ± 7,80	347	122,25 ± 9,28	158	118,65 ± 11,69	122,39 ± 10,65	
LQ	15	59,87 ± 6,66	347	57,12 ± 4,96	158	59,90 ± 5,94	58,96 ± 5,38	
LGi	15	33,27 ± 1,90	347	33,88 ± 2,52	158	33,04 ± 2,59	33,40 ± 2,59	
LCh	15	31,33 ± 6,61	347	31,65 ± 3,57	158	30,41 ± 4,99	31,13 ± 4,25	
LTra	15	20,93 ± 2,86	347	19,83 ± 2,50	158	20,01 ± 2,85	20,26 ± 2,64	
PP	15	58,80 ± 4,38	347	57,17 ± 3,72	158	56,36 ± 5,05	57,45 ± 4,27	
Tbo	15	233,60 ± 16,23	347	221,65 ± 18,83	158	225,53 ± 20,39	226,93 ± 19,75	
TP	15	192,80 ± 10,78	347	184,36 ± 14,56	158	184,73 ± 13,68	187,29 ± 14,43	
TSt	15	206,73 ± 9,69	347	196,86 ± 12,77	158	196,52 ± 14,39	200,04 ± 13,33	
TCa	15	24,27 ± 3,09	347	24,15 ± 2,70	158	24,21 ± 2,92	24,21 ± 2,80	
Tcou	15	66,80 ± 2,12	347	65,41 ± 4,40	158	64,82 ± 4,72	65,68 ± 4,47	
TVB	15	178,47 ± 19,35	347	180,31 ± 14,84	158	180,31 ± 18,86	179,87 ± 16,44	
DT	00	0,00 ± 0,00	67	11,23 ± 0,71	38	13,70 ± 0,81	12,46 ± 0,75	
DDT	00	0,00 ± 0,00	67	17,61 ± 3,75	38	15,06 ± 3,80	16,34 ± 3,75	
QL/j	00	0,00 ± 0,00	67	25,68 ± 1,38	38	31,64 ± 1,15	28,66 ± 1,30	
Pds	15	309,38 ± 52,40	347	286,40 ± 58,41	158	267,30 ± 1,15	287,69 ± 60,53	
Total général	15	2,88 %	347	66,73 %	158	30,38 %	301	100 %

Annexe 4 : Histogrammes des différentes mensurations effectuées sur «Tergui».

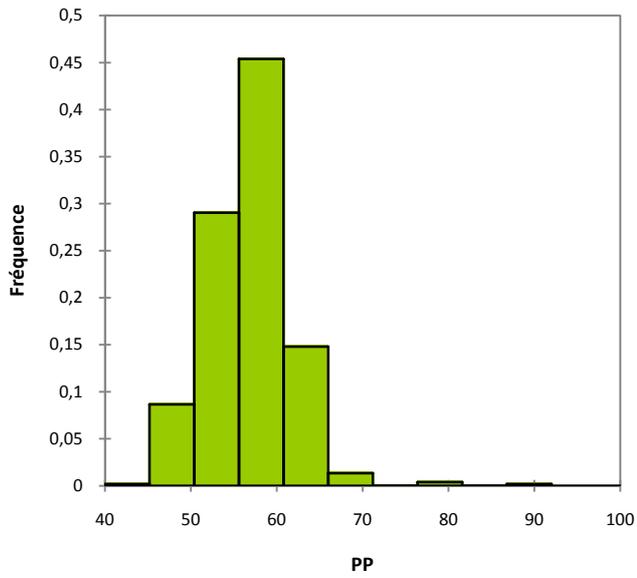




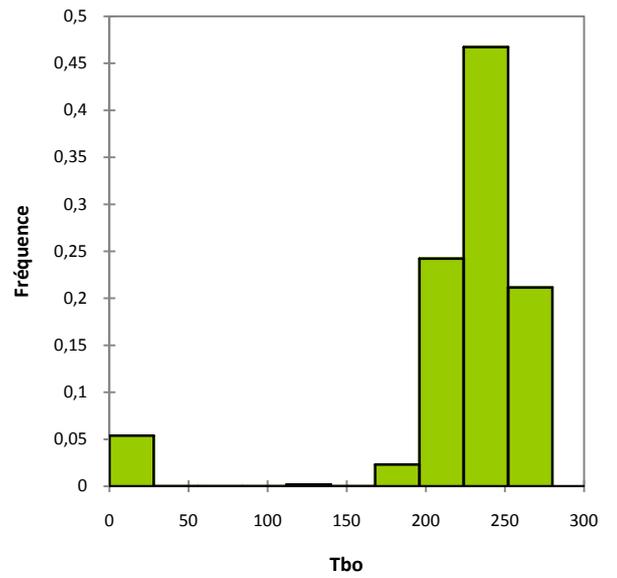




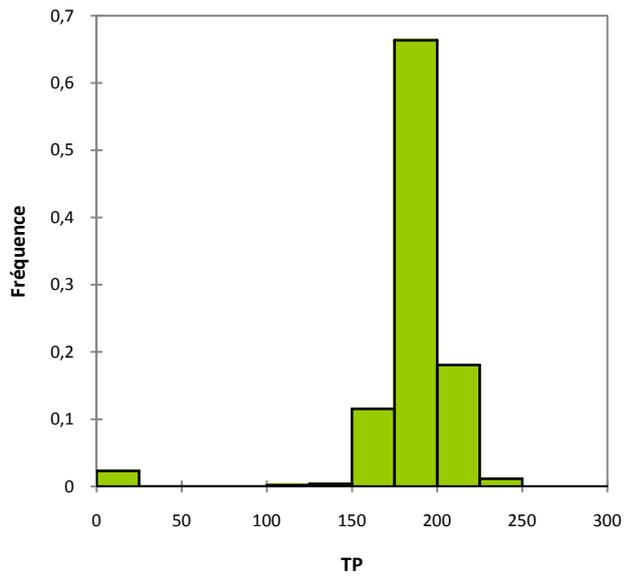
Histogramme (PP)



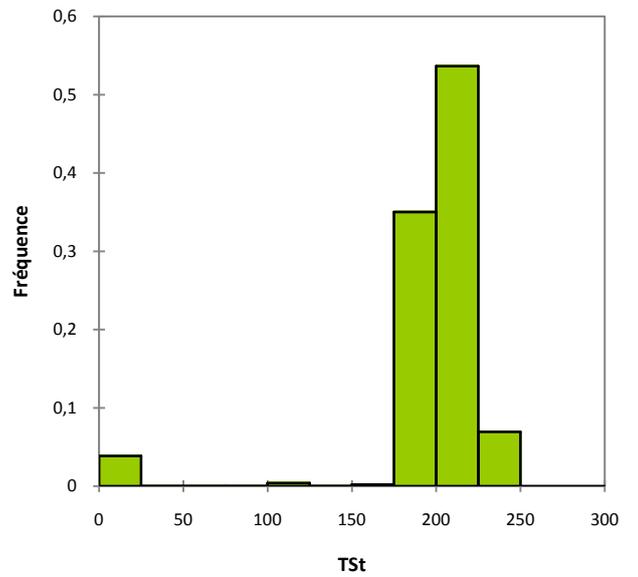
Histogramme (Tbo)



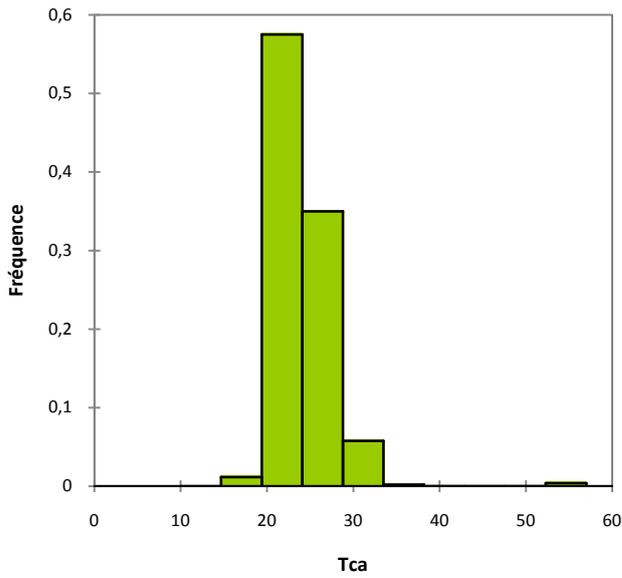
Histogramme (TP)



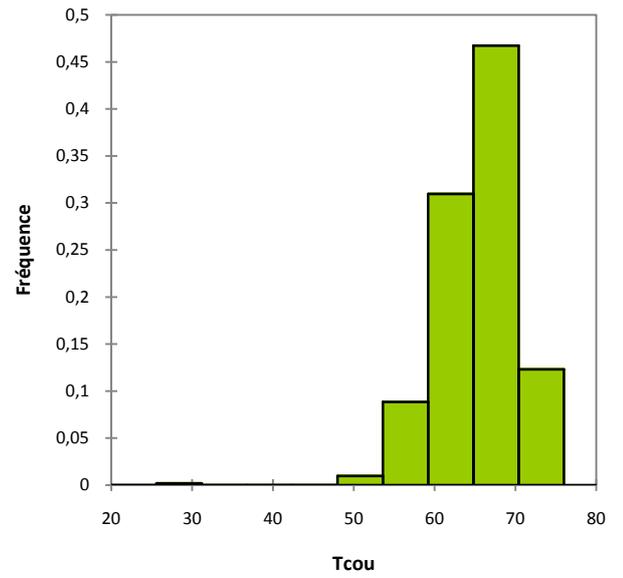
Histogramme (TSt)



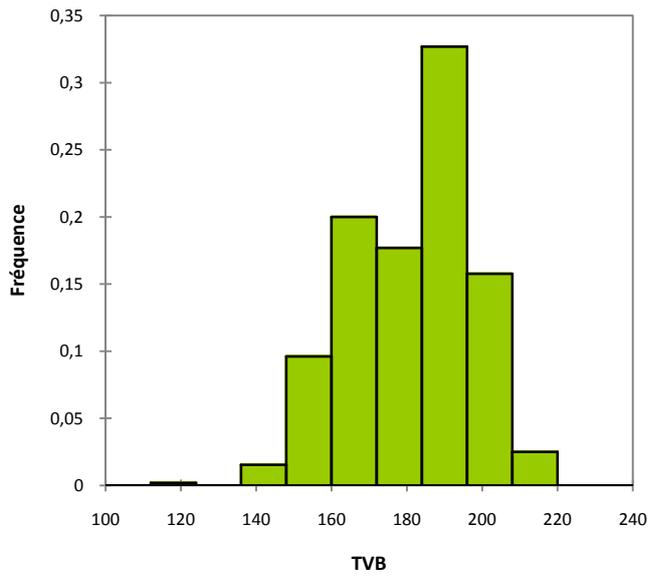
Histogramme (Tca)



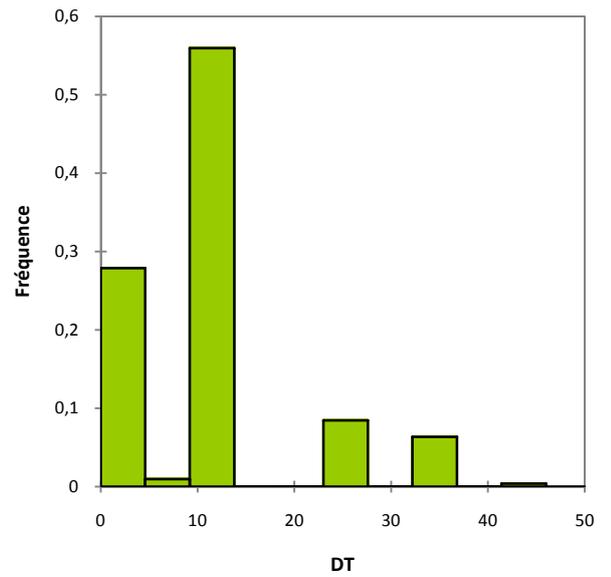
Histogramme (Tcou)

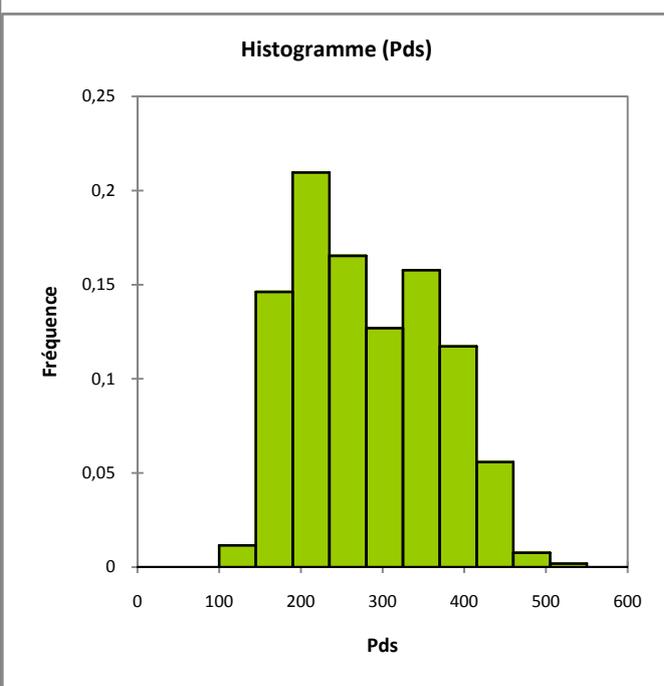
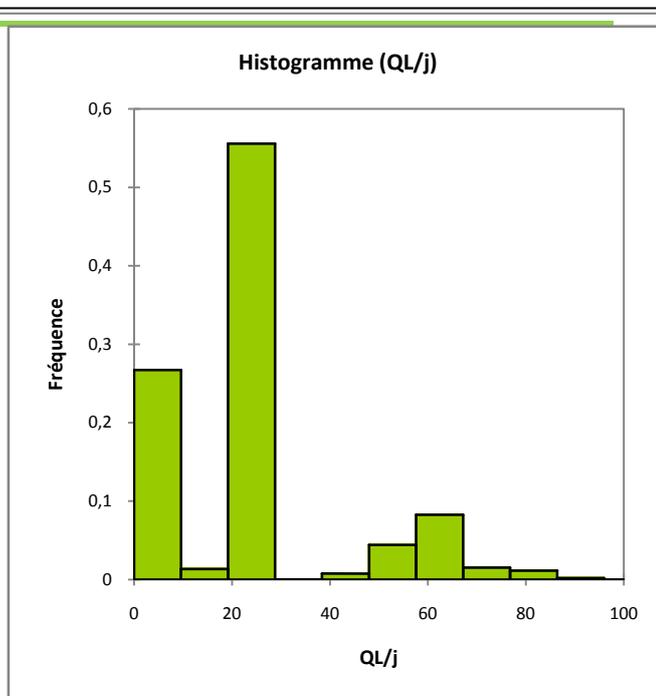
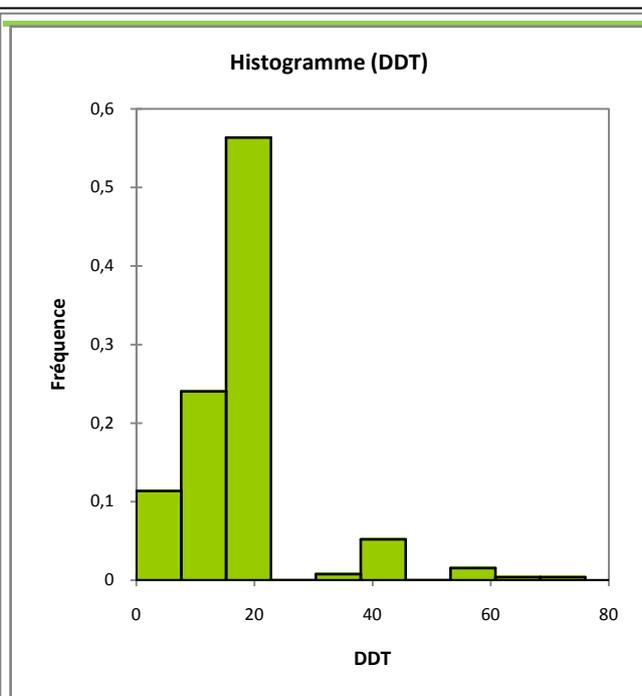


Histogramme (TVB)



Histogramme (DT)





Annexe 5 : Matrice de corrélation (Pearson (n)) :

Variables	HP	HG	Hge	Hbo	Hba	HCr	LCp	LTr	Lba	Lte	LO	Lco	LQ	LGi	LCh	LTra	PP	Tbo
HP	1																	
HG	0,197	1																
Hge	-0,044	0,230	1															
Hbo	0,053	0,175	0,165	1														
Hba	-0,033	0,178	0,279	0,075	1													
HCr	0,167	0,159	0,143	0,140	0,050	1												
LCp	0,148	0,171	0,112	0,163	0,349	0,280	1											
LTr	0,306	0,139	0,073	0,124	0,031	0,098	0,198	1										
Lba	0,086	0,086	0,087	0,035	0,036	-0,005	0,111	0,394	1									
Lte	0,504	0,263	0,062	0,180	0,125	0,159	0,233	0,381	0,080	1								
LO	0,401	0,101	-0,235	0,121	0,029	0,172	0,192	0,092	-0,072	0,208	1							
Lco	-0,024	0,095	0,213	0,213	0,276	0,035	0,169	0,071	0,012	0,098	0,033	1						
LQ	-0,253	0,009	0,351	0,030	0,088	-0,051	-0,024	-0,042	0,059	-0,008	-0,806	0,143	1					
LGi	0,003	-0,003	-0,006	0,032	-0,004	0,005	0,011	0,064	0,028	0,039	0,007	0,026	0,024	1				
LCh	0,222	0,066	-0,034	0,089	0,029	0,118	0,055	0,200	0,033	0,215	0,096	0,076	-0,030	0,096	1			
LTra	0,046	0,095	0,125	0,001	0,085	0,056	0,092	-0,066	-0,028	0,067	0,012	0,066	0,087	0,010	-0,079	1		
PP	0,190	0,146	0,140	0,179	0,052	0,118	0,100	0,201	0,173	0,279	0,092	0,138	0,006	0,060	0,099	0,286	1	
Tbo	-0,068	0,202	0,229	0,224	0,114	0,152	0,286	0,030	0,018	0,093	0,123	0,209	-0,018	0,011	0,056	0,064	0,025	1
TP	0,014	0,255	0,199	0,253	0,341	0,026	0,202	0,053	0,078	0,212	0,078	0,269	0,046	0,001	0,092	0,107	0,170	0,431
TSt	-0,035	0,170	0,187	0,188	0,356	0,186	0,144	0,030	0,040	0,088	0,136	0,332	-0,057	0,003	0,018	0,122	0,083	0,372
Tca	0,036	0,116	0,207	0,254	0,175	0,154	0,155	0,064	-0,050	0,151	0,134	0,194	-0,028	0,031	0,067	0,463	0,346	0,208
Tcou	0,363	0,189	0,077	0,145	0,097	0,163	0,235	0,297	0,181	0,504	0,081	0,097	0,036	0,047	0,207	0,112	0,209	0,141
TVB	0,316	0,092	0,049	0,125	-0,015	0,155	0,116	0,213	0,080	0,362	0,143	0,046	-0,106	-0,056	0,169	0,076	0,272	0,100
DT	0,083	0,036	-0,005	-0,051	-0,001	-0,091	-0,018	0,035	-0,024	0,126	0,010	0,010	0,024	-0,011	0,011	0,046	-0,006	0,002
DDT	-0,035	0,023	-0,078	-0,074	-0,005	0,040	0,047	-0,061	0,012	-0,146	-0,015	-0,080	-0,018	-0,003	-0,081	-0,085	-0,112	-0,067
QL/j	0,016	-0,055	-0,025	0,088	0,013	-0,058	0,031	-0,007	0,026	0,053	0,018	0,056	0,009	-0,032	-0,065	0,080	0,071	0,035
QL/j	0,016	-0,055	-0,025	0,088	0,013	-0,058	0,031	-0,007	0,026	0,053	0,018	0,056	0,009	-0,032	-0,065	0,080	0,071	0,035
Pds	0,076	0,418	0,431	0,289	0,289	0,211	0,207	0,201	0,111	0,293	-0,187	0,281	0,273	0,003	0,187	0,125	0,251	0,310

	TP	TSt	Tca	Tcou	TVB	DT	DDT	QL/j	QL/j	Pds
TP	1									
TSt	0,414	1								
Tca	0,220	0,236	1							
Tcou	0,136	0,123	0,204	1						
TVB	0,106	0,052	0,218	0,339	1					
DT	0,044	0,054	0,073	0,122	0,013	1				
DDT	-0,128	-0,023	-0,079	-0,080	-0,171	-0,181	1			
QL/j	0,029	0,023	0,128	0,040	0,001	0,068	-0,132	1		
QL/j	0,029	0,023	0,128	0,040	0,001	0,068	-0,132	1,000	1	
Pds	0,342	0,247	0,298	0,312	0,405	-0,006	-0,081	0,011	0,011	1
