

République Algérienne Démocratique et Populaire
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique



UNIVERSITE ABOU BEKR BELKAID DE TLEMCEM

Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie et Sciences de la Terre et de l'Univers

Laboratoire phtisiologie, physiopathologie et biochimie de la nutrition (PpBioNut)

Filière : Sciences Biologiques

Département : Biologie

Thèse de Doctorat

Présentée par

LABBACI Madani

En vue de l'obtention du

Diplôme de Doctorat 3^{ème} cycle

Spécialité : **Génétique Appliquée**

Thème

**Caractérisation et identification de l'espèce asine dans
l'ouest et l'extrême sud algérien**

Soutenu le 13/07/2022 devant le jury composé de :

Qualité	Nom	Grade	Université
Président :	MOKHTARI-	Prof.	Abu-Bakr Belkaid. Tlemcen
	SOULIMANE Nassima		
Encadreur :	GAOUAR S.B.S	Prof.	Abu-Bakr Belkaid. Tlemcen
Examineur1 :	BELLATRECH Amina	MCA	Abu-Bakr Belkaid. Tlemcen
Examineur2 :	TEFIEL Hakim	MCA	Université de Tissemsilt
Examineur3:	CHAHBAR Mohamed	MCA	Université de Tissemsilt

Remerciements

Enfin, nous y voici ! Quelle aventure ... Une thèse, est un travail de longue haleine, un défi que l'on se donne à soi-même. Mais c'est surtout une formidable histoire de relations, de rencontres et d'amitié.

La pratique de la recherche scientifique nous place souvent face à des questionnements intellectuels et des obstacles techniques. Les solutions se sont imposées par le fruit des multiples contacts que j'ai eu l'occasion de créer avec nombre de personnes passionnées. J'aimerais remercier celles et ceux qui, d'une manière ou d'une autre, ont contribué à sa réalisation.

Mes remerciements particuliers s'adressent à mes directeurs, professeur GAOUAR Souheil Semir Bachir et madame DJAOUT Amal, qui m'ont donné l'opportunité de me lancer dans cette aventure qu'est la recherche scientifique, et qui ont toujours été de bon conseil pour me faire évoluer. Merci pour leur confiance et leur patience.

Un grand merci au professeur GAOUAR Souheil Bachir, le directeur de cette thèse, qui m'a tant soutenu, conseillé et aidé. Merci Pr Souheil, vous avez toujours eu des paroles justes, encourageantes et réconfortantes. Vous êtes un formateur très patient lors de mes durs combats pour la réalisation de cette thèse et vous n'avez jamais failli à m'aider et à m'encourager. J'espère pouvoir encore relever de nombreux autres défis avec vous dans les prochaines années.

Je remercie madame DJAOUT Amal (Maitre de recherche B) pour la confiance qu'elle m'a témoignée en acceptant de diriger mon travail de thèse, le soutien et les conseils qu'elle m'a prodigués tout au long de ce parcours de recherche et pour tous les efforts qu'elle a fait pour que je puisse réaliser mon travail. J'ai été particulièrement touché par la priorité qu'elle n'a jamais cessé d'accorder à mes multiples sollicitations malgré ses nombreuses obligations. Vous m'avez conseillé et soutenu énormément. Travailler avec vous est une expérience passionnante.

Un grand merci également à Mr. AMEUR AMEUR AbdelKader (MCA) de l'université Abu-Bakr Belkaied. Tlemcen , pour l'honneur qu'ils m'a fait , pour ses conseils, son aide et son soutien dans l'aboutissement de ce travail..

Je souhaiterais remercier les membres du jury de ma thèse qui ont accepté de juger ce travail et pour le temps qu'ils ont accordé à la lecture de cette thèse et à l'élaboration de leurs rapports :

Je remercie professeur Mokhtari-Soulmane Nassima d'avoir accepté de présider ce jury.

C'est également avec plaisir que je remercie madame Bellatrech Amina ; pour l'honneur qu'elle m'a fait en acceptant d'examiner ce travail, pour sa disponibilité et sa gentillesse. Pour ses multiples conseils et mon initiation à la recherche scientifique.

Un grand merci aussi à Mr Tefiel Hakim et Mr Chahbar Mohamed MCA au niveau de l'université de Tissemsilt pour l'honneur qu'ils m'ont fait en acceptant d'examiner ce travail.

Mon travail de doctorat a nécessité avant tout l'échantillonnage et l'enquête sur le terrain a été particulièrement facilitée par plusieurs personnes, je tiens à exprimer tout particulièrement ma reconnaissance à :

Pr.PIRO MOHAMMED, chef de laboratoire génétique vétérinaire à l'Institut Hassan II, Rabat, Maroc. Pour avoir accepté avec une grande amabilité de faire partie de projet de recherche. Soyez assurée de ma profonde reconnaissance et de ma considération respectueuse.

Mes amis : Mr Mohammed DOCTEUR vétérinaire de la DSA d'Aïn Témouchent, Bessass Kamel DOCTEUR vétérinaire du DSA SIDI BEL ABBÈS, Boudouaia Abdelghani, Bouamama son cousin qui m'ont aidé dans le terrain pendant la collecte des données,

Je remercie mes amis de la formation doctorale. Benyarou Mohammed, Benhammadi Mohammed, Bouandas Amer, Meghilli Imane et Kaouadji Z , Kalai Sidi Mohammed pour leurs aides et leurs soutiens durant la réalisation de ce travail. Bonne chance à benyarou et bouandas aussi pour la soutenance de votre Thèse.

Merci et bon courage à tous mes amis d'étude de la spécialité Génétique Appliquée, je dis à vous tous pardon et bonne chance à vous.

Je remercie tous ceux qui par leurs encouragements, leurs aides, leurs conseils et/ou leurs critiques qui ont contribué à la réalisation de ce modeste travail.

A toutes et tous, un grand merci !

Dédicace

Je dédie ce travail :

A mon père Abdelhamid,

Papa tu es le meilleur exemple que l'on doit suivre pour réussir dans la vie .ton sens de sacrifice personnel, ton courage et ta persévérance m'ont beaucoup marqué .je me souviens ,, tu nous faisais travailler tous les jours de la semaine sans repos tout en nous disant que pour l'esclave , c'est le seul moyen de s'en sortir dans la vie .ainsi, tu nous as inculqué le courage et la bravoure dans le travail .malgré le peu de moyens , tu as bravé les obstacles en comptant sur toi-même et sur le DIEU .quand je t'appelais pour te dire ça n'allait pas tu me disais que DIEU est GRAND, et le tout puissant miséricordieux nous a soutenu jusqu'au bout. Considère ce travail comme les résultats de tes immenses sacrifices. Que DIEU se souvienne de tout ce que tu as fait et continue de faire pour moi et qu'il te garde longtemps à nos coté.

Reconnaissance éternelle papa.

A ma maman Touria Mezouar :

Ton soutien spirituel m'a permis de terminer cette formation en bonne santé .ton silence et ta capacité d'observer sans pourtant rien dire et t'en remettre au tout puissant en disant <<akraw, hna 3andna ghi kraya >> m'ont servis d'exemples pour tout supporter dans la vie .et chaque fois que je me trouvais confronté a des difficultés de la vie , je me souvenais de les propos et cela me soulageait .ainsi , je m'armais de courage pour affronter la vie .je ne pourrais jamais finir de faire tes éloges .retrouve ici le fruit de tes efforts et qu'ALLAH te garde en santé .t'accorde longue vie et me permettre de prendre soin de toi comme tu l'as fait pour moi .

Merci Maman

A mes frères : Aissa et Oussama <<Seul le travail fait l'homme >> que ceci vous serve d'exemple et vous brise toutes barrières je vous aime et je ne vous veux et ne vous souhaite que le meilleur. Que l'esprit d'entente et d'amour nous unir.

Résumé

Dans le cadre de l'étude de la biodiversité des ressources génétiques animales et afin d'apporter des outils efficaces à la gestion des populations asines algériennes, et en raison de l'absence des données ethniques et des caractérisations raciales de cette espèce en Algérie. Un effectif de 294 ânes adultes, répartis au niveau de huit wilayas d'où 11 mensurations, 06 indices corporels développés chez les chevaux et adaptés aux ânes ont été calculés et 07 caractères phénotypiques ont été retenus pour cette étude. Nos résultats montrent que aucun effet significatif du caractère sexe sur les mensurations étudiées ($p > 0,05$) seulement sur quelques paramètres comme (LSI), (LE), (LH), et (TM) ($p < 0,05$). Ainsi, une analyse factorielle des correspondances multiples a été effectuée sur la totalité des caractères phénotypiques, et elle a révélé deux composantes principales qui constituent 44,64 et 41,77 % de l'inertie totale soit 86,4 %. Cette analyse est un préalable vers l'établissement des différents caractères déterminants (Couleur de la robe, Tête, Membres, Poils, Museau et Ventre). Ces derniers doivent être pris en considération dans la caractérisation et identification phénotypique des populations asines. Ensuite, un total de 65 animaux appartenant à 8 populations asines (6 individus de Naâma, 10 Sidi Bel Abbès, 11 Aïn Témouchent, 2 El Bayadh, 9 Tiaret, 6 Adrar, 14 Tlemcen et 7 Saïda) font objet d'une étude de la structure et relation phylogénétique par l'utilisation d'un panel de 17 microsatellites. Les résultats obtenus montrent que ces marqueurs utilisés sont fortement polymorphes. En fait, le nombre moyen d'allèles par locus (MNA) enregistré se varie entre 3.94 et 2.88 pour la population de Tlemcen et la population de Naâma respectivement. Ainsi une valeur moyenne de 0.62 (62%) de PIC ce qui leurs rendent très informatifs. Une forte diversité génétique a été observée avec des valeurs d'hétérozygoties varient de 0,575 chez la population de Sidi Bel Abbès à 0,765 chez la population de El Bayadh. En outre, toutes populations asines étudiées sont en déséquilibre de HW. La différenciation génétique entre les populations asines étudiées est faible ($F_{ST}=0,070$). Par conséquent, la diversité globale est due principalement à la diversité individuelle et pas raciale. En fin, les analyses de structuration (AFC, approche bayésienne de groupement) confirment les informations sur les relations entre ces différentes populations. En conclusion, les données et les informations apportées par cette étude montrent une proximité génétique entre les populations du nord-ouest et celles du sud-ouest.

Mots clés : Algérie ; populations asines ; marqueurs microsatellites ; diversité génétique, mensurations morphométriques.

Abstract

As part of the study of the biodiversity of animal genetic resources and to provide effective tools for the management of Algerian Asine populations, and due to the lack of ethnic data and racial characterizations of this species in Algeria. A population of 294 adult donkeys, distributed at the level of eight wilayas where 11 measurements, 06 body indices developed in horses and adapted to donkeys were calculated and 07 phenotypic characters were selected for this study. Our results show that only a few parameters (LSI), (LE), (LH), and (TM) had no significant effects of sex on the measurements studied ($p>0.05$). Thus, a factorial analysis of multiple matches was carried out on all phenotypic characters, and it revealed two main components that make up 44.64 and 41.77% of the total inertia, or 86.4%. This analysis is a prerequisite for establishing the various determining characters (Colour of the dress, Head, Limbs, Hair, Muzzle and Belly). These should be taken into account in the characterization and phenotypic identification of asian populations. Then, a total of 65 animals belonging to 8 Asian populations (6 individuals of Naâma, 10 Sidi Bel Abbès, 11 Aïn Témouchent, 2 El Bayadh, 9 Tiaret, 6 Adrar, 14 Tlemcen and 7 Saïda) a study of the structure and phylogenetic relationship using a panel of 17 microsatellites. The results obtained show that these markers used are highly polymorphic. In fact, the average number of alleles per locus (MNA) recorded varies between 3.94 and 2.88 for the Tlemcen population and the Naâma population respectively. Thus, an average value of 0.62 (62%) PIC which makes them very informative. High genetic diversity was observed with heterozygous values ranging from 0.575 in the Sidi Bel Abbès population to 0.765 in the El Bayadh population. In addition, all Asian populations studied are in HW imbalance. Genetic differentiation between the study populations is low ($F_{ST}=0.070$). Therefore, global diversity is mainly due to individual and not racial diversity. Finally, the structuring analyses (AFC, Bayesian clustering approach) confirm the information on the relationships between these different populations. In conclusion, the data and information provided by this study show a genetic proximity between northwest and southwest populations

Key words: Algeria; donkey populations; microsatellite markers; genetic diversity, morphometric measurements, phenotypic.

ملخص

كجزء من دراسة التنوع البيولوجي للموارد الوراثية الحيوانية ولتوفير أدوات فعالة لإدارة مجموعات الحمير الجزائرية، وبسبب نقص البيانات العرقية والتوصيفات العرقية لهاته الانواع في الجزائر. بلغ عدد العينات 294 من الحمير البالغة موزعة على مستوى ثماني ولايات حيث تم حساب 11 قياساً و06 من مؤشرات الجسم المطورة في الخيول والمكيفة مع الحمير وتم اختيار 07 صفات مظهرية لهذه الدراسة. تظهر نتائجنا أن عدداً قليلاً فقط من المعلمات (LSI) و (LE) و (LH) و (TM) لم يكن لها تأثيرات معنوية للجنس على القياسات المدروسة ($p > 0.05$) وهكذا، تم إجراء تحليل عاملي لمطابقات متعددة على جميع الصفات المظهرية، وكشف عن مكونين رئيسيين يشكلان 44.64% و 41.77% من إجمالي القصور الذاتي، أو 86.4%. هذا التحليل هو شرط أساسي لتحديد مختلف المظاهر المحددة (لون الفرو، الرأس، الأطراف، الشعر، الكمامة والبطن). يجب أن تؤخذ هذه في الاعتبار في توصيف وتحديد النمط الظاهري لمجموعات الحمير. ثم، ما مجموعه 65 حيواناً تنتمي إلى 8 مجموعات للحمير (6 أفراد من النعام، 10 سيدي بلعباس، 11 عين تموشنت، 2 البيض، 9 تيارت، 6 أدرار، 14 تلمسان و7 من سعيدة) لدراسة التركيب والتطور. باستخدام لوحة مكونة من 17 ساتلاً مكروياً. تظهر النتائج التي تم الحصول عليها أن هذه العلامات المستخدمة هي متعددة الأشكال للغاية. في الواقع، يتراوح متوسط عدد الأليلات لكل موضع (MNA) المسجل بين 3.94 و2.88 لمجموعات تلمسان ومجموعات النعام على التوالي. وبالتالي، فإن متوسط قيمة PIC (62%) 0.62 مما يجعلها مفيدة للغاية. لوحظ تنوع وراثي مرتفع مع قيم متغايرة الزيجوت تتراوح من 0.575 في مجموعة سيدي بلعباس إلى 0.765 في مجموعة البيض. بالإضافة إلى ذلك، فإن جميع مجموعات الحمير الذين تمت دراستهم يعانون من عدم توازن HW. التمايز الجيني بين مجموعات الدراسة منخفض ($F = 0.070$). لذلك، فإن التنوع الإجمالي يرجع أساساً إلى التنوع الفردي وليس التنوع العرقي. أخيراً، تؤكد تحليلات الهيكل (AFC)، نهج التجميع (Bayesian) المعلومات حول العلاقات بين هذه المجموعات السكانية المختلفة. في الختام، تظهر البيانات والمعلومات التي قدمتها هذه الدراسة تقارباً وراثياً بين مجموعات الشمال الغربي والجنوب الغربي.

الكلمات المفتاحية: الجزائر، مجموعات الحمير، معلمات السوائل الصغيرة، التنوع الجيني، قياسات، المظهرية.

Liste des abréviations

ACM	Analyse factorielle des correspondances multiples
ACP	Analyse en composantes principales
CHA	Classification hiérarchique ascendante
Cm	Centimètre
CV	Coefficient de variation
Err Std	Erreur standard
FAO	<u>Organisation Des Nations Unies Pour L'alimentation Et L'agriculture</u>
HG	Hauteur au garrot
LAT	Largeur de la tête
LE	Largeur aux épaules
LH	Largeur aux hanches
LoO	Longueur des oreilles
LoT	Longueur de la tête
LQ	Longueur de la queue
LTC	Longueur totale du corps
M	Mètre
MADR	Ministère d'agriculture et développement rurale
PC	Périmètre du canon
PV	Poids vif
TM	Tour du museau
TP	Tour de poitrine
ADN mt	ADN mitochondrial
AFC	Analyse Factorielle des Correspondances
CCD	Dispositif à transfert de charge
CDB	Convention sur la diversité biologique
D-loop	Displacement loop
DO	Densité optique
DST	Diversité entre populations
EDTA	Ethylène diamine tétra acétique
FAO	Food and Agriculture Organization
FIS	Indice de Fixation
GST	Coefficient de différenciation génétique
He	Taux d'hétérozygotie attendue
Hnb	Taux d'hétérozygotie non biaisé
Hobs	Taux d'hétérozygotie observé
HS	Diversité intra-population
HT	Diversité génétique totale
EHW	Equilibre de Hardy-Weinberg
ISAG	International Society for Animal Genetics

K	Cluster
M	Masse molaire
MgCl₂	Chlorure de Magnésium
NaCl	Chlorure de sodium
Pb	Paires de bases
PCR	PolyméraseChainréaction
RAPD	Random amplified polymorphic DNA
RFLP	Restriction fragment length polymorphism
RGA	Ressources génétiques animales
SE	Erreur standard
SNP	Single nucleotide polymorphism
STR	Short tandem repeats
Taq	Thermus aquaticus
VNTR	Variable Number of Tandem Repeat

Sommaire

Remerciements	2
Dédicace.....	5
Résumé	6
Abstract	7
ملخص.....	8
Liste des abréviations.....	9
Sommaire	11
Liste des figures	16
Liste des tableaux	18
Liste des annexes	19
INTRODUCTION.....	21
REVUE BIBLIOGRAPHIQUE	24
I. Généralités	24
<i>I.1. Taxonomie</i>	24
<i>I.2. Origine de l'âne</i>	24
<i>I.3. La domestication de l'âne</i>	27
<i>I.4. Evolution des effectifs</i>	28
<i>I.4.1. Dans le monde</i>	28
<i>I.4.2. En Algérie</i>	30
II. Présentation de l'espèce asine	31
<i>II.1. Description générale de l'âne</i>	31
<i>II.2. Activité sexuelle de l'âne</i>	33
<i>II.2.1. Comportement sexuel des ânesses</i>	33
<i>II.2.2 Comportement sexuel des baudets</i>	33
<i>II.2.3 Cycle œstral</i>	34
<i>II.2.4 Gestation et mise-bas</i>	34
<i>II.2.5. Physiologie de lactation</i> :	34
<i>II.3. Lait d'ânesse</i>	35

II.3.1. Histoire et utilisation du lait d'ânesse.....	35
II.3.1.1. Lait d'ânesse comme alicament.....	35
II.3.1.2 Nutrition infantile.....	36
II.3.2 Propriétés du lait d'ânesse.....	37
II.3.2.1. Propriétés peu allergisantes.....	37
II.3.2.2 Activité anti-tumorale.....	38
II.3.2.3 Breuvage fermenté.....	38
II.3.2.4. Lait d'ânesse en cosmétique.....	38
II.4. Races asines.....	39
III. Biodiversité et ressources zoogénétique.....	42
III.1. Importance de la biodiversité des animaux d'élevage.....	42
III.2. Origine de la diversité génétique :.....	43
III.2.1. Processus évolutifs affectant la variabilité génétique.....	43
III.2.2. Forces évolutives.....	44
III.2.2.1. Dérive génétique.....	44
III.2.2.2. Migration et mutation.....	45
III.2.2.3. Migration.....	45
III.2.2.4. Sélection naturelle.....	46
III.3. Méthodes de caractérisation des animaux d'élevage :.....	47
III.3.1. Méthode morphométrique :.....	47
III.3.2. Méthodes biochimiques et moléculaires.....	48
III.3.2.1. Marqueurs biochimiques.....	48
III.3.2.2 Marqueurs moléculaires.....	49
III.4. Programmes de conservation des ressources génétiques animales.....	57
III.5. Objectif :.....	59
POPULATION D'ETUDE ET METHODES.....	62
I. Zones d'étude.....	62
II. Choix des animaux.....	63
III. Caractérisation phénotypique.....	64
III.1. Variables étudiées.....	64
III.1.1. Variables quantitatives.....	64

III.1.2. Variables qualitatives.....	65
III.2. Analyses statistiques des caractères morphométriques.....	66
IV. Caractérisation génétique.....	67
IV.1. Populations d'étude	67
IV.1.1. Choix des animaux	67
IV.1.2. Echantillonnage des populations d'études	67
IV.2. Méthodes d'analyses génétiques.....	67
IV.2.1. Extraction d'ADN et dosage.....	67
IV.2.2. Contrôle de la qualité d'ADN et dilution	68
IV.2.3. Génotypage des marqueurs microsatellites par séquenceur automatique.....	72
IV.3. Principes des techniques.....	72
IV.3.1. Amplification des marqueurs microsatellites	72
IV.3.1.1. Principe de la PCR classique.....	72
IV.3.1.2. Électrophorèse capillaire	75
IV.3. Protocole expérimental.....	75
IV.3.1. Choix des marqueurs et préparation des amorces	75
IV.3.2. Amplification in vitro de l'ADN par PCR.....	78
IV.3.3. Dépôt sur le séquenceur	79
IV.3.4. Génotypage des microsatellites	79
IV.4. Méthodes d'analyses statistiques	79
IV.4.1. Logiciels utilisés	79
IV.4.2. Principes des analyses faites en génétique des populations	81
IV.4.2.1. Équilibre de Hardy Weinberg.....	81
IV.4.2.2. Test de conformité à l'équilibre de Hardy-Weinberg	82
IV.4.2.3. Fiabilité des loci microsatellites	83
IV.4.2.4. Analyse de la diversité intra-population.....	84
IV.4.2.5. Analyse de la diversité inter-populations	87
IV.4.2.6. Analyse factorielle des correspondances (AFC)	94
IV.4.2.7. Méthodes de clustering.....	95
IV.4.2.8. Méthodes d'affectation des individus à une population.....	96
CARACTERISATION MORPHOMETRIQUE.....	96

I. Résultats et Interprétation	96
I.1. Caractères morphométriques	96
<i>I.1.1. Mensurations corporelles</i>	<i>96</i>
I.1.1.1. Analyse descriptive	96
I.1.1.2. Variation des variables selon le sexe.....	97
I.1.1.3. Variation des variables selon les régions	97
I.1.1.4. Corrélations des mensurations corporelles.....	99
I.1.1.5. Variation des individus	99
<i>I.1.2. Les indices corporels</i>	<i>103</i>
I.1.2.1. Indice de Shannon pour les caractères quantitatifs	104
I.1.2.2. Indice de de Shannon par population :	106
<i>I.1.3. Caractères qualitatifs.....</i>	<i>106</i>
I.1.3.1. Analyse descriptive	106
I.1.3.2. Variation des individus	107
II. Discussion	112
II.1. Caractères morphométriques	112
II.2. Caractérisation qualitative.....	116
CARACTERISATION GENETIQUE	116
I. Qualité des ADN extraits.....	116
II. Résultats du génotypage par séquenceur automatique	116
III. Analyse de la diversité génétique.....	117
III.1. Équilibre de Hardy Weinberg	117
<i>III.1.1. Test d'excès d'hétérozygoties.....</i>	<i>117</i>
<i>III.1.2. Test de déficit en hétérozygoties.....</i>	<i>118</i>
IV. Fiabilité des loci microsatellites.....	119
IV.1. Détection des allèles nuls.....	119
IV.2 Déséquilibre de liaison.....	119
IV.3. Polymorphisme des marqueurs microsatellites.....	120
V. Diversité intra populationnelle	124
V.1. Diversité allélique	124
V.2. Nombre allélique	124

V.3. Richesse allélique (R_a)	125
V.4. Nombre efficace d'allèles (A_e)	125
V.5. Allèles privés	126
V.6. L'hétérozygotie observée et attendue	127
VI. Diversité inter populationnelle	129
VI.1. Paramètres de différenciation des populations	129
VI.1.1. Indice de fixation FIS	129
VI.1.2. Indice de différenciation FST	131
VI.1.3. Flux des gènes	132
VI.2. Distances génétiques et établissement des relations phylogéniques	132
VI.2.1. Distances génétiques et corrélation	132
VI.2.2. Arbres phylogénétiques (dendrogramme).	134
VI.3. Résultat d'analyse factorielle des correspondances (AFC)	136
VI.4. Assignment des individus à des populations génétiques et clustering	138
VI.4.1. Assignment des individus par le logiciel Structure	138
VI.4.2. Méthodes d'affectation des individus à une population	141
CONCLUSION ET PERSPECTIVES	143
REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES	151
ANNEXES	165

Liste des figures

Figure 1. Evolution de la population asine dans le monde entre 2010 et 2020	29
Figure 2. Répartition des ânes dans le monde en 2020	29
Figure 3. Evolution de l'effectif de la population asine en Algérie	31
Figure 4. Schéma représentatif de différentes parties du corps de l'âne	32
Figure 5. Vente de lait dans les rues de Toulouse	36
Figure 6. Quelques produits cosmétiques fabriqués par le lait d'ânesse.....	39
Figure 7. Phénomène de dérive génétique affecte les petites populations	45
Figure 8. Séquence contenant une répétition GTn	53
Figure 9. Modèle de "slippage réplication" permettant d'expliquer l'augmentation ou la diminution du nombre de répétitions dans un microsatellite	55
Figure 10. Informations nécessaires pour l'établissement des stratégies de gestion.....	59
Figure 11. Représentation des régions d'étude par rapport à la carte nationale.....	63
Figure 12. Les différentes mensurations corporelles effectuées	65
Figure 13. Appareil fluorimétrique (Qubit 3 metic).....	69
Figure 14. NanoDrop2000c Thermo Scientific	71
Figure 15. Schéma du principe de la PCR.....	73
Figure 16. Exemple d'un résultat d'une PCR multiplex	74
Figure 17. Le séquenceur automatique HTDS 3500 (Applied Biosystems /Hitachi).	75
Figure 18. Présentation des mensurations corporelles par ACP chez la population asine....	100
Figure 19. Arbre hiérarchique utilisant la distance moyenne (entre les classes) dans la population à l'étude.	101
Figure 20. Présentation des individus de la population asine par ACP.....	102
Figure 21. Représentation graphique des variables par ACM.....	108
Figure 22. Arbre hiérarchique utilisant la distance moyenne (entre classes) chez la population asine.....	109
Figure 23. Présentation des individus par ACM	110
Figure 24. Nombre d'allèles mis en évidence pour chaque marqueur microsatellite dans les 8 populations asines étudiées.	121
Figure 25. Histogramme du test de Mantel	134
Figure 26. Dendrogramme basé sur les distances génétiques de Nei (Dn) entre 8 populations asines (méthodologie de rééchantillonnage Bootstrap (1000 répétitions)), par l'approche « UPGMA ».....	135

Figure 27. Pourcentages de la variabilité moléculaire chez la population asine algérienne .	136
Figure 28. Représentation par AFC dans l'espace de 3 -dimensions des échantillons des 8 populations asines étudiées. A) Sur l'ensemble de 8 populations. B) Sur l'ensemble de 65 individus	138
Figure 29. Détermination de la valeur de K la plus vraisemblable selon la méthode EVANNO <i>et al</i> , (2005). La variation de second ordre du log-likelihood K (ΔK).....	139
Figure 30. Estimation de la structure de la population avec des valeurs K différentes (K = 2 à 8).....	140

Liste des tableaux

Tableau 1. Classification de l'espèce <i>Equus asinus</i>	24
Tableau 2. Evolution dans le monde des effectifs asiniens entre 2010 et 2020	28
Tableau 3. Quantité moyenne de lait (en kg) produite par ânesse selon la saison de mise bas	35
Tableau 4. Détermination des protéines totales de lactosérum, des caséines totales, du lysozyme, de la lactalbumine et de la lactoglobuline dans le lait d'ânesse, de brebis et de l'homme	37
Tableau 5. Représentation des régions d'étude, leurs localisations et leurs climats spécifiés	62
Tableau 6. Répartition de la population asine étudiée selon la région et le sexe	63
Tableau 7. Les différents paramètres mesurés	64
Tableau 8. Les caractères qualitatifs qui se répartissent dans la population asine.....	66
Tableau 9. Le système de dosage de Qubit	70
Tableau 10. Noms des locus, emplacement des chromosomes, étiquette du colorant, et la gamme de tailles des produits amplifiés pour tous marqueurs utilisés dans le kit de génotypage 17-Plex Horse. (Applied Biosystems, Foster City, Calif, USA).....	77
Tableau 11. Composants de réaction en chaîne par polymérase (PCR) et la quantité de réaction standard.	78
Tableau 12. Logiciels utilisés dans cette étude	80
Tableau 13. Analyse descriptive des mensurations corporelles chez la population asine étudiée	96
Tableau 14. Variations des variables selon le sexe	97
Tableau 15. Variations des variables selon les régions d'étude.....	98
Tableau 16. Matrice de corrélation de Pearson	99
Tableau 17. Valeurs propres	100
Tableau 18. Classification des ânes par ACP.....	102
Tableau 19. Indices zootechniques calculés.....	103
Tableau 20. Variations des indices corporels des individus selon les régions et le sexe	104

Liste des annexes

Annexe 1. Protocole d'extraction d'ADN à partir du sang total par la technique NaCl « Salting Out »	165
Annexe 2. quelques mensurations des paramètres morphométriques selon différents auteurs et leur pays	166
Annexe 3. Les fréquences d'allèles nuls (p)	167
Annexe 4. Déséquilibre d'association à l'échelle des 8 populations asines étudiées	168
Annexe 5. Distribution des fréquences alléliques par population et par locus.	195
Annexe 6. Affectation de tous animaux sauf les animaux qui sont 100 % affectés à leur race exacte.....	199

Introduction

INTRODUCTION

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.

Ce n'est qu'au début des années 1960 que le monde a commencé à s'en rendre compte. Disparition de variétés qui n'étaient pas considérées comme les plus rentables. dans le Référence à la tenue de la Convention sur la diversité biologique adoptée lors du sommet Protocole de Rio Nagoya de 1992 sur l'accès à la Terre et aux ressources génétiques Adopté à Nagoya, au Japon en 2010, les responsables ont commencé à y penser alternatives pour une utilisation rationnelle et la conservation des ressources Les ressources naturelles comme condition préalable au développement durable, d'où le terme de biodiversité popularisé.

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

Les animaux d'élevage ont représenté un élément essentiel des systèmes de production agricole, particulièrement important dans des environnements défavorables où les cultures sont difficiles sinon impossibles. Pour les éleveurs, la diversité zoo génétique représente une ressource où puiser pour sélectionner les animaux et développer de nouvelles races. De façon plus ample, les populations d'animaux d'élevage génétiquement différents permettent à la société d'avoir une plus vaste gamme d'options pour satisfaire les défis des années futures. **Cité a (LABBACI et al, 2016)**

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**).

L'espèce asine est une espèce en voie de disparition en Algérie suite au développement de la mécanisation et l'introduction de la technologie, après le 20ème siècle, d'où l'ignorance de l'importance de cet animal. Il a été utilisé, dans les villes, comme un moyen de transport, il transporte tous les menus matériaux de construction, tels que les pierres à bâtir, les briques, les tuiles, la chaux, le sable, les déblais, les remblais, les ordures, etc. **cité a (LABBACI et al , 2016)**

Alors que dans les campagnes, cet animal porte les produits divers comme les grains, des fruits, quelques légumes, du charbon, du bois à brûler, de la volaille, des fourrages verts, de la paille, des broussailles, des fagots :il transporte des bagages ; il va chercher l'eau dans les outres, souvent à de longues distances, parce que les puits où les sources sont quelques fois très éloignés des tribus.

Dans les montagnes, les agriculteurs reposent encore sur la traction animale. Le mulet, facile à entretenir, sobre et rustique, est préféré au cheval pour cette tâche.

De plus, l'âne a aussi un rôle très important en ville, y compris au cœur d'Alger ou de Constantine où les rues étant étroites, les camions n'ont pas leur place à la Casbah ou à Souika. L'âne éboueur est une tradition qui remonterait, selon les habitants, à l'époque de la régence ottomane au 16e siècle. Évidemment, l'automobile n'avait pas encore été inventée. Et c'est tout naturellement que les turcs ont pensé à l'animal le plus à même de supporter le poids des charges. **Cité a (LABBACI et al, 2016)**

L'objectif principal de cette thèse est de contribuer à la caractérisation morphométrique et génétique de huit populations asines algériennes, afin de disposer d'une base de données reflétant la diversité génétique de l'âne algérien dans une perspective de mise en œuvre d'un futur programme de gestion et de conservation de cette espèce.

Enfin, cette étude sur ces populations asines a nécessité l'utilisation de différentes méthodes (clustering et affectation) pour apprécier leur distance génétique et d'autres paramètres de leur variabilité génétique dans le but de lancer un programme de conservation et de préservation des populations ou races étudiées.

Revue

Bibliographique

REVUE BIBLIOGRAPHIQUE

I. Généralités

I.1. Taxonomie

L'âne (*Equus asinus*) est un mammifère herbivore de la famille des équidés, appartenant à l'ordre des ongulés, animaux dont les pieds sont terminés par des productions cornées (ongles, sabot), sous-ordre des périssodactyles, c'est-à-dire les ongulés munis d'un nombre impair de doigts, dont le médian est le plus développé et assure le principal appui au sol.

Tableau 1. Classification de l'espèce *Equus asinus* (LINNAEUS, 1758)

Embranchement :	Vertébrés
Classe :	Mammifères
Famille :	Equidés
Super-ordre :	Ongulés
Ordre :	Périssodactyles
Genre :	<i>Equus</i>
Espèce :	<i>Asinus</i>

I.2. Origine de l'âne

L'âne domestique est considéré comme l'espèce animale négligée et la moins étudiée au monde (BLENCH, 2000). Cependant, la domestication des ânes a radicalement modifié les anciens systèmes de transport en Afrique et en Asie, permettant la circulation terrestre des personnes et des marchandises et influençant l'organisation des premières villes et sociétés pastorales (ROSENBOM et al, 2014). Le motif originel de la domestication de l'âne est inconnu, et il n'est pas certain qu'il refléterait nécessairement son usage courant aujourd'hui, comme transport de personnes et de marchandises. Il a peut-être été domestiqué pour sa viande, pour son lait et son utilisation pour portage un développement ultérieur (BLENCH et al, 2012). Aujourd'hui, il ne reste plus que sept espèces et bon nombre d'entre elles sont en péril (MOEHLMAN, 2002).

Ils sont généralement appelés équidés et sont classés dans la famille des équidés et un seul genre, *Equus*. Les sept espèces équines existantes sont caractérisées par leur divergence chromosomique rapide et leur spéciation récente (BUSH et al, 1977 ; RYDER et al, 1978), seules les deux espèces sauvages, à savoir les ancêtres des chevaux domestiques (*Equus*

caballus) et des ânes (*Equus africanus*) ont été domestiquées avec succès par les humains et représentent probablement la dernière des espèces communes. La reproduction doit être domestiquée (CLUTTON-BROCK, 1999).

On a laissé entendre que les ânes domestiques (*Equus asinus*) n'étaient domestiqués que dans les tropiques arides et subtropicaux du nord-est de l'Afrique et de la Corne (BLENCH, 2000 ; BEJA-PEREIRA et al, 2004 ; MARSHALL, 2007 ; ROSSEL et al, 2008). Ainsi, les premiers ânes ont été trouvés dans l'Égypte antique, les archéologues ont conclu qu'ils étaient domestiqués de l'âne sauvage nubien résident (*Equus africanus africanus*) par les villageois habitant la vallée égyptienne du Nil. Une des bases de ce point de vue a été la découverte inhabituelle de Sir Flinders Petrie de trois squelettes d'ânes dans une tombe de la Première Dynastie à Tarkhan en Égypte (env. 2850 B.C.) (PETRIE, 1914). Des analyses plus récentes de la taille des os des sites de Maadi et de Hierakonpolis ont fourni des preuves supplémentaires de la présence des premiers ânes dans l'Égypte ancienne (BOESSNECK, 1992 ; VON DEN DRIESCH, 1997). Des études récentes (MARSHALL, 2007 ; ROSSEL et al, 2008) ont révélé que leur domestication et leur histoire évolutive sont encore débattues. Les preuves, y compris les données moléculaires (BEJA-PEREIRA et al, 2004), les preuves contemporaines (MARSHALL, 2007) et les vestiges archéologiques excavés en Égypte (ROSSEL et al, 2008) ont fortement soutenu l'origine africaine des travailleurs domestiques ânes. En outre, analysant différentes sources de preuves, MARSHALL (2007) a proposé que les premiers pasteurs en Afrique du Nord-Est domestiquaient les ânes dans des conditions d'aridité accrue c. 7000-6500 BP au Sahara.

De nouvelles recherches génétiques sur l'ADN mitochondrial des ânes modernes, cependant, suggèrent que non pas une mais deux sous-espèces de l'âne sauvage africain ont été domestiqués. Deux clades d'ânes domestiques ont été identifiés, l'un qui groupe avec l'âne sauvage somalien et l'autre avec l'âne sauvage nubien. La variabilité dans les deux clades est la plus grande en Afrique. À la suite de ces découvertes et de recherches archéologiques récentes, on a fait valoir que les pasteurs africains domestiquaient l'âne sauvage en réponse à l'aridité croissante du Sahara il y a 6 000 ans (BEJA-PEREIRA, 2004 ; MARSHALL, 2007). Tester ces hypothèses pour la domestication pastorale égyptienne ancienne, sud-ouest asiatique ou africaine d'*Equus africanus* nécessite d'identifier les premiers ânes dans leur contexte culturel. Malheureusement, les stades initiaux de la domestication sont ceux où les ânes sont les plus semblables à leur ancêtre sauvage et donc les plus difficiles à distinguer (ROSSEL et al, 2008).

La propagation de l'âne domestique peut être divisée en deux phases clés : avant le contact européen et l'ère suivante. Ces deux époques ne sont pas, comme c'est commun, distinguées par la documentation ; en effet, il y a beaucoup de lacunes dans le dossier historique. Les principales différences sont les suivantes : documentation éparse, représentation graphique, ânes éparpillés uniquement par la terre, ânes éparpillés de fermier à fermier et diffusion lente pour la première période, pour la deuxième période, il existe des documents historiques, ânes éparpillés par le transport maritime, ils se propagent aussi par des projets, des institutions étatiques, etc, et une diffusion rapide des animaux. Il n'existe aucun document décrivant la propagation de l'âne au cours de la période précédant le contact avec les Européens. **LEWICKI (1974)** et **LEVTZION & HOPKINS (1981)** ont rassemblé des références historiques antérieures à l'âne dans le Sahel ouest-africain. Les chroniques arabes décrivant cette région se réfèrent à l'âne comme déjà domestiqué. Les textes ultérieurs en langues européennes font généralement référence à la présence de l'âne, et non à son introduction. La diffusion de l'âne dans les temps de contact pré-européens, semble avoir été strictement par voie terrestre, notamment à travers le Sahara, mais généralement simplement se propager progressivement d'une zone à l'autre. Cependant, une fois que l'âne est devenu considéré comme un animal productif pour toute l'Afrique semi-aride, il semble avoir été apporté à l'Afrique australe en navires, d'où sa distribution disjointe. On fait référence aux « ânes de Mascate » en Tanzanie dans les années 1950 (**MASON et MAULE, 1960**). Il s'agissait d'ânes de couleur pâle associés aux Arabes et peuvent donc avoir été apportés de la région du Golfe ou de l'Égypte où ils ont une longue tradition d'utilisation. Dans le passé, les ânes se diffusaient principalement de fermier à fermier ou étaient vendus par des pasteurs spécialisés, comme en Afrique de l'Ouest. Cependant, elles se sont répandues au cours du présent siècle dans le cadre de vastes stratégies agricoles associées à l'État-nation ou aux organismes d'aide. Plus important encore, ils ont été recommandés pour la traction dans les régions avec des sols sablonneux légers et la fabrication industrielle d'essieux pour ânes-carts a également donné leur diffusion parmi les agriculteurs stimulus considérable. À la lumière de cela, il est ironique à bien des égards qu'en Afrique australe aujourd'hui, ils sont perçus par les autorités principalement comme un parasite (**STARKEY, 1995**). La diffusion informelle des ânes se poursuit encore aujourd'hui ; le déboisement de la savane au sud du Sahel et le déclin consécutif du défi tsetse ont permis aux ânes de se propager vers le sud. Les ânes peuvent survivre sur des régimes non spécifiés et peuvent trouver de la nourriture dans les friches périurbaines entourant de nombreuses villes africaines. De même, la déforestation et la

dégradation des terres entraînent une diminution de la biodiversité ; les ânes peuvent se nourrir des arbustes qui persistent dans ces conditions (BLENCH, 2012).

I.3. La domestication de l'âne

Pendant l'Holocène, la domestication animale a entraîné une transformation économique et sociétale importante. Les animaux offraient aux gens un moyen de transport pour les produits et les familles, ainsi qu'un accès fiable à la viande et aux ressources renouvelables comme le lait et le sang, ainsi que de la main-d'œuvre pour les activités difficiles comme le labourage, le broyage et le pompage de l'eau des puits. Les ânes étaient les animaux de transport les plus anciens d'Afrique et du Proche-Orient. Ils sont particulièrement bien adaptés pour le transport dans les zones montagneuses et sèches, et ils sont maintenant une ressource précieuse dans de nombreuses régions du monde. EPSTEIN et MASON (1977) ont proposé l'onagre asiatique (*Equus hemionus*) comme un prédécesseur probable de l'âne domestique. Cependant, on considère généralement que l'âne sauvage d'Afrique (*Equus africanus*) est l'ancêtre de l'âne (BEJA-PEREIRA et al, 2004) et que les onagers sauvages ont ensuite été mélangés à des ânes domestiques dans divers pays d'Asie occidentale (CHAMPLLOT et al. 2010).

Selon des analyses génétiques, les ânes étaient probablement domestiqués en Afrique du Nord-Est (BEJA-PEREIRA et al, 2004). Les preuves archéologiques, historiques et ethnographiques suggèrent qu'au moins trois groupes distincts d'ânes sauvages existaient en Afrique il y a 2000 ans, et seulement deux d'entre eux ont survécu jusqu'à nos jours (GROVES 1986 ; MARSHALL, 2000). La taille énorme et les pattes rayées de l'âne sauvage somalien le distinguent. Elle est en danger critique (MOEHLMAN et al. 2011), mais la Somalie, l'Éthiopie et l'Érythrée ont encore des populations.

L'âne sauvage nubien, qui a une grande croix d'épaule, a été découvert au XIXe siècle au nord du Soudan et en Érythrée. Au cours des dernières années, peu d'animaux ont été repérés (KIMURA et al, 2011), et ces populations auraient disparu (MOEHLMAN et al, 2002). L'âne sauvage de l'Atlas, qui avait une croix d'épaule et des pattes rayées et qui était représenté dans des sculptures rupestres et des mosaïques, a disparu à l'époque romaine (LHOTE, 1984 ; MUZZOLINI, 2000). D'après des découvertes paléontologiques et archéologiques, l'ancienne distribution de l'âne sauvage africain s'étendait sur la moitié nord de l'Afrique depuis au moins 20000 ans (GROVES, 1986 ; MARSHALL, 2007 ; KIMURA et al, 2011).

Cette dispersion aurait pu inclure le Yémen et le Levant (**UERPMMANN, 1991**). Il y a également un certain désaccord quant à savoir si *E. africanus* s'étendait en Asie occidentale, en raison de la rareté des preuves de l'âne sauvage africain dans le paléolithique supérieur du Levant et la probabilité de la conflation des squelettes de l'âne domestique précoce et de l'âne sauvage (**MARSHALL et al. 2010 ; MARSHALL et WEISSBROD 2011**)

I.4. Evolution des effectifs

I.4.1. Dans le monde

Le tableau 2 ci-dessous présente l'évolution de la population asine entre 2000 et 2013 dans les différents continents :

Tableau 2. Evolution dans le monde des effectifs asiniens entre 2010 et 2020 (Source : **FAO,2022**)

	2010	2012	2014	2016	2018	2020
Afrique	17336901	25116946	25912086	29811913	31293950	33148206
Amériques	6950669	6798355	6749940	6657675	6658785	6665687
Asie	15383394	15005502	14708321	13985461	12972672	13028473
Europe	443428	420893	391764	387104	124048	110665
Australie et Nouvelle-Zélande	2000	2000	2000	1913	1911	1894
Monde	40123392	47350696	47771111	50851066	51058366	52961925

Les chiffres nous permettent de distinguer deux catégories de continents :

- Ceux où les effectifs asiniens sont faibles (inférieurs à 2 millions) et qui correspondent à des continents où les pays sont dits « développés »,
- Ceux où les effectifs asiniens sont élevés et qui correspondent à des continents où les pays sont dits « en voie de développement ».

On retrouve ses tendances dans le graphique 2 ci-dessous. Les courbes de l'Australie et la nouvelle Zélande et de l'Europe sont situées en bas du graphique.

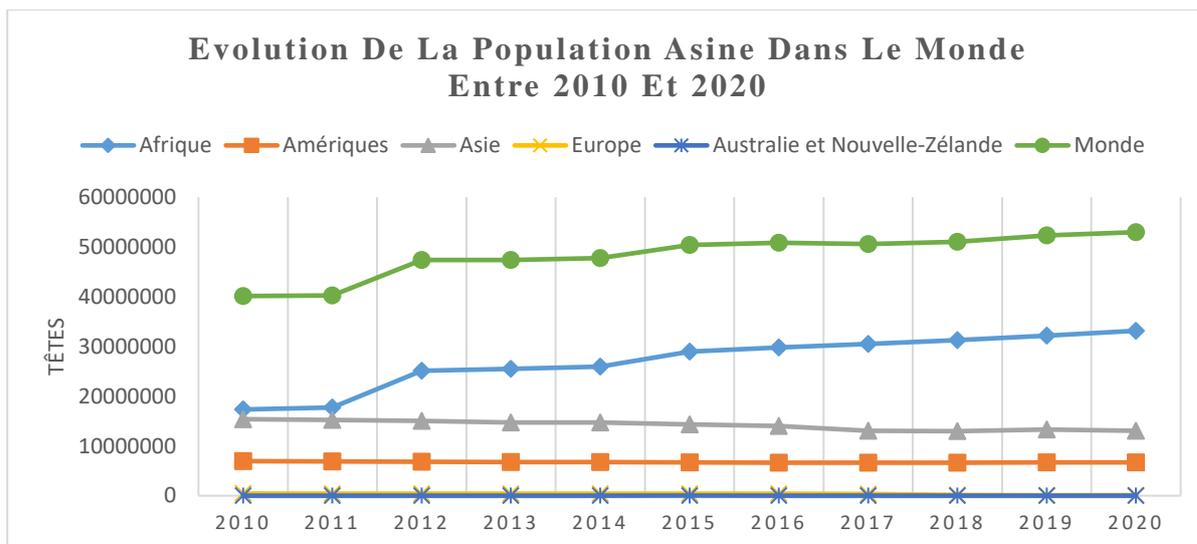


Figure 1. Evolution de la population asine dans le monde entre 2010 et 2020 (FAO,2022)

La population asine, après avoir connu une augmentation relativement importante au début des années 80, tend aujourd’hui à se stabiliser. Cette forte progression suit celle de l’Afrique. Le premier pays, concernant les effectifs asiniens, est l’Ethiopie, avec 10 millions d’ânes en 2020. Les effectifs d’Amériques se montrent très stables alors que ceux d’Asie et ceux d’Europe diminuent (FAO,2022).

Pour expliquer ces variations, il faut mettre en parallèle les effectifs numériques d’un continent et le rôle que tient l’âne dans ces contrées (FAO,2022).

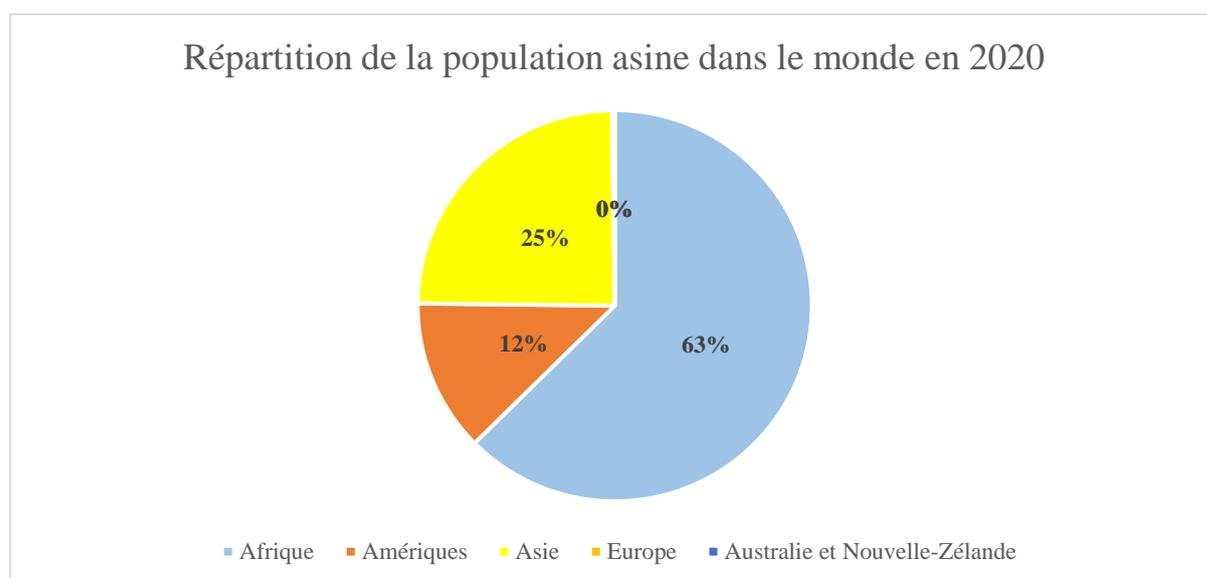


Figure 2. Répartition des ânes dans le monde en 2020 (Source FAO,2022)

Dans les pays en voie de développement (comme l’Afrique), où la mécanisation reste encore faible, les ânes occupent des fonctions extrêmement importantes dans la vie de tous les jours. Ils sont, en général, utilisés pour le transport, montés, bâtés ou attelés. Ils vont chercher de l’eau ou du bois de chauffage ou bien amènent des produits au marché. Ils sont, également, employés pour de nombreux travaux dans les champs (labours, semailles...). Sobres, résistants et endurants, les ânes sont particulièrement appréciés dans ces régions (**FAO, 2022**).

Dans les pays développés, en revanche, les hommes ne ressentent plus la nécessité de travailler avec des ânes puisqu’ils possèdent une mécanisation performante et abordable. Tracteurs et autres engins motorisés ont vite remplacé les ânes, expliquant les faibles effectifs que l’on retrouve dans ces pays. S’il existe encore des ânes et que l’on observe même une légère augmentation des effectifs, c’est grâce au regain d’intérêt du public pour les ânes qui deviennent, aujourd’hui, des animaux de compagnie (**FAO, 2022**).

La figure 2 ci-dessus confirme l’inégale répartition des ânes dans le monde : seuls 12% des ânes sont localisés dans les pays industrialisés. Les autres se répartissent majoritairement entre l’Afrique (63 %) et l’Asie (25%) (**FAO, 2022**).

I.4.2. En Algérie

Le développement de la mécanisation, au tournant du 20^{ème} siècle, allait ramener l’âne du rang de moyen de travail agricole et de transport des personnes et des biens à celui de produit utilisé par des populations des pays sous- développés surtout les pays africains. Ce qui affaiblit les effectifs de notre filière asine d’une manière dangereuse.

Plus de 83730 têtes asines vivent sur le territoire algérien en 2020 (selon les derniers recensements de la **FAO 2022**). Ces données ne reflètent que partiellement la réalité puisqu’aujourd’hui, de nombreux équidés échappent à ce recensement.

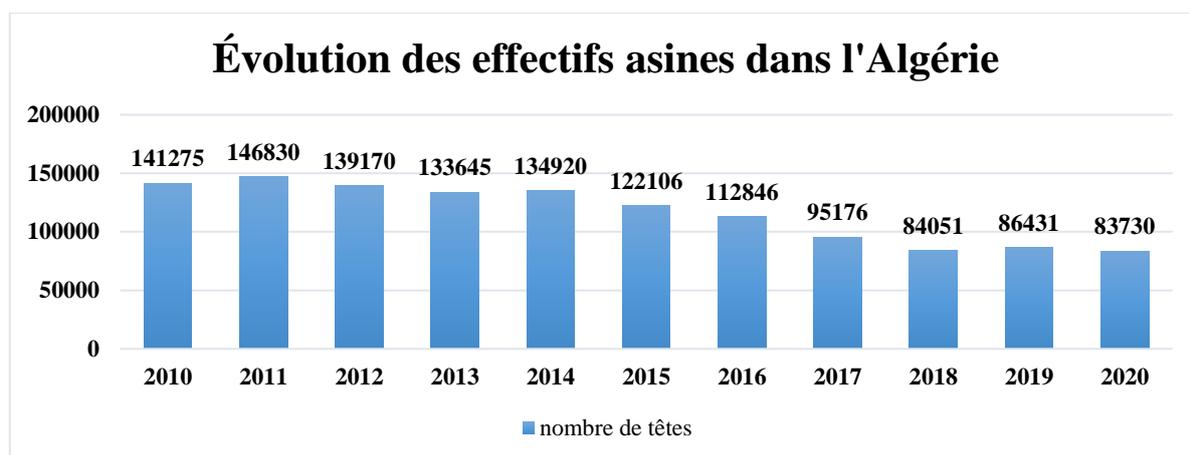


Figure 3. Evolution de l'effectif de la population asine en Algérie (FAOSTAT, 2022)

II. Présentation de l'espèce asine

II.1. Description générale de l'âne

Nous pouvons décrire l'âne d'après **RAVENEAU et DAVEZE, (1996)** comme suit :

Le poids de l'âne varie, selon les individus et les races, de 80 kg pour un âne nain à 480 kg pour un baudet de Poitou. Il a une hauteur au garrot va de 0,80 m à 1,60 m, en moyenne. Le corps est allongé, il mesure de 0,90 m à 1,60 m ; il se distingue par son poitrail assez comprimé, plus épais et de forme à peu près cylindrique vers la partie postérieure.

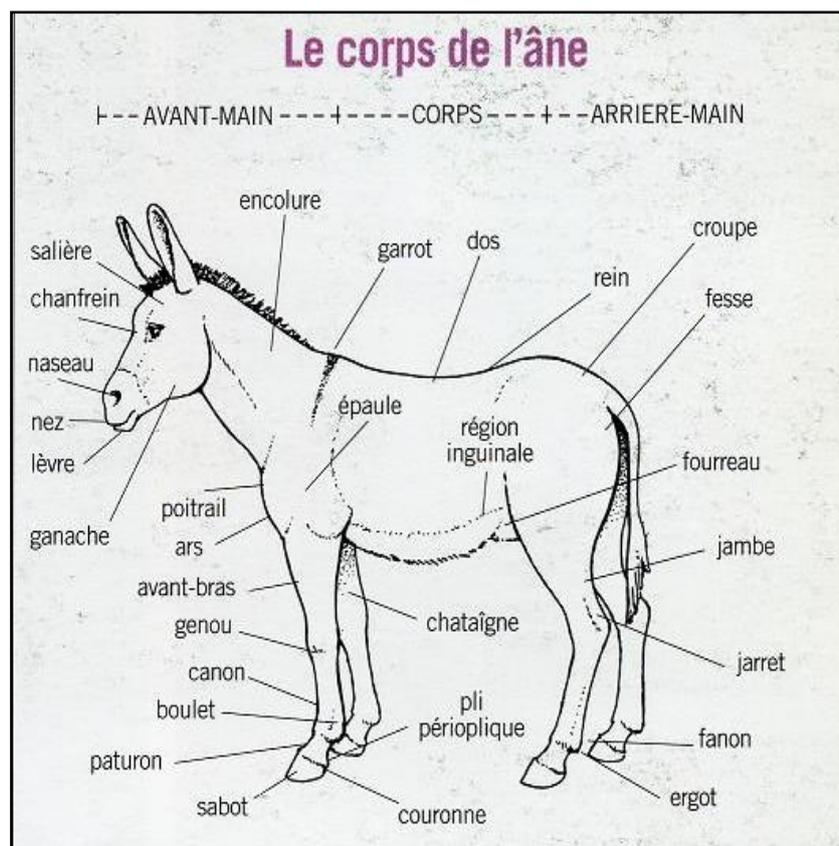


Figure 4. Schéma représentatif de différentes parties du corps de l'âne (RAVENEAU et DAVEZE, 1996)

Le dos est légèrement en oblique depuis le garrot, plus ou moins proéminent, jusqu'au rein, qui est droit ou légèrement déprimé. La colonne vertébrale plus courte que celle du cheval, est constituée de vertèbres dorsales très développées, c'est pourquoi les ânes ont les dos saillant et fort.

Le ventre est relevé vers l'arrière jusqu'aux organes génitaux, appelés fourreau chez le mâle, mamelles chez l'ânesse. Le flanc est court et la croupe, formée par les muscles de l'arrière-train, est arrondie. La queue, plantée haut, est pendante, assez longue et garnie de crins à son extrémité.

La tête est allongée et forme un angle voisin de 90° avec l'encolure. Les grands yeux sont mobiles, les orbites écartées et à fleur de tête. Les oreilles sont pointues, plantées en haut, sont écartés à la base avec un pavillon dirigé vers l'avant ; extrêmement mobiles, elles mesurent en général la moitié de la longueur de la tête. Les naseaux sont larges facilitent l'accès de l'air aux voies respiratoires dont le volume est important. Chaque mâchoire comporte 6 molaires, 6 prémolaires, 6 incisives et parfois 2 à 4 canines.

La crinière plus ou moins abondante va du garrot à la nuque, se termine parfois par un toupet frontal.

Leurs membres, comme chez tous les équidés, sont longs, bien détachés du tronc et faits pour la marche. Les membres postérieurs favorisent la propulsion, la cuisse et la jambe sont donc bien musclées. Les membres antérieurs fournissent l'effort de traction et jouent un rôle d'amortisseurs ; leur ossature est constituée d'un bras, l'humérus, et d'une omoplate, dite scapulum, disposés suivant l'axe de l'avant-bras.

La longévité d'un âne est estimée de trente à trente-cinq ans en moyenne (exceptionnellement plus de cinquante ans) mais seulement quinze à dix-huit ans au début de ce siècle, cela chez la race poitevine.

II.2. Activité sexuelle de l'âne

II.2.1. Comportement sexuel des ânesses

L'âne en chaleur présente un comportement très spécial, très différent de celui de la jument. En effet, la mastication domine jusqu'à la salivation, avec un porto très loin derrière les oreilles, et l'acceptation du chevauchement par les autres femelles du troupeau, comme dans le cas des bovins. Les chaleurs peuvent être silencieuses. Les grossesses jumelles sont difficiles à mener à bien, et la fréquence est relativement élevée en grandes tailles. **(CHABCHOUB et al,2007)**

II.2.2 Comportement sexuel des baudets

Chez le baudet, la descente des testicules dans le scrotum peut prendre 2 ans, la castration chez le male se fait dès l'âge de 6 mois, la saillie se fait soit en liberté soit guidée à l'aide de la main. Le baudet est agressif, de ce fait, il est seul dans son territoire. Pour faire saillir les ânesses, on les fait séjourner sur le terrain du baudet. Contrairement au cheval, le baudet peut chevaucher plusieurs fois avant de saillir. Un baudet peut, de cette façon saillir jusqu'à plus d'une dizaine de femelles en une journée **(LAGARDE,2010)**.

Le baudet, en monte libre, commence par une phase pré-copulatoire auprès de l'ânesse et de longs jeux de poursuite jusqu'à ce que la saillie fécondante ait lieu au bout d'une trentaine de minutes. On peut laisser un baudet dans un pré avec plusieurs femelles en

chaleur, en surveillant qu'il saillisse chacune d'elle car il semble qu'il ait ses préférences (CHABCHOUB et TIBARI, 2008).

II.2.3 Cycle œstral

Le cycle œstral chez l'ânesse dure 26 jours (23 à 30 jours), l'activité saisonnière est relativement peu marquée, le cycle est simplement plus long en hiver, mais sans véritable anoestrus comme chez la jument. Dans ce cycle, le dioestrus occupe en moyenne les 18 premiers jours (14 à 22) et l'œstrus les 8 jours restants, avec l'ovulation survenant le dernier jour dans 51% des cas, sinon la veille ou le lendemain du dernier jour (CHABCHOUB et al, 2007).

II.2.4 Gestation et mise-bas

La gestation de l'ânesse dure 12 à 13 mois (372 à 374 jours en moyenne). Une durée de gestation plus longue (plus de 400 jours) n'est pas exceptionnelle.

La durée de gestation est très variable entre deux ânesses, mais relativement stable chez une même ânesse. L'ânesse lèche ensuite son petit afin de reconnaître par imprégnation son odeur. L'ânon marche généralement dans les deux heures suivant la naissance, et doit téter le colostrum de sa mère pour la constitution de ses anticorps (CHABCHOUB et al, 2007).

Les principes de l'obstétrique sont les mêmes qu'avec la jument. Les dystocies de disproportion fœto-maternelle sont fréquentes lorsque l'ânesse porte un bardot. La délivrance doit être expulsée dans les 5 à 6 heures maximum, le plus souvent dans les 2 heures. La prise en charge d'une rétention placentaire est la même que chez la jument, en veillant, toutefois, à adapter les posologies des médicaments, chez l'ânesse comme chez la jument, les chaleurs réapparaissent 5 à 13 jours après la mise-bas, elles peuvent être mises à profit pour une nouvelle saillie. L'ânon sera sevré idéalement entre 6 et 7 mois (LAGARDE, 2010).

II.2.5. Physiologie de lactation :

Il est possible d'avoir du lait toute l'année, car l'ânesse peut mettre bas à n'importe quel Moment de l'année, toutefois c'est avec les mises-bas d'hiver et d'été que le meilleur rendement est obtenu, comme le montre le Tableau 3 (POLIDORI et al, 2009).

Tableau 3. Quantité moyenne de lait (en kg) produite par ânesse selon la saison de mise bas(D'après POLIDORI *et al*, 2009)

	Automne	Hiver	Printemps	Été
Quantité de lait (Kg)	447	600	392	517

La réserve de lait dans la mamelle est principalement alvéolaire. Elle ne permet pas un grand stockage et nécessite une libération d'ocytocine importante pour assurer la vidange de la mamelle (SALIMEI, 2011). Pour cela, il faut que l'ânon soit à proximité de sa mère. Dans la littérature les ânon sont séparés physiquement de leurs mères 3 h avant la traite mais restent toujours en contact visuel

Tous les auteurs et éleveurs sont d'accord sur le fait que le lait du premier mois doit être entièrement consacré à l'ânon. En effet, cela permet de lui assurer un bon développement pour la suite. De plus, comme la lactation est très dépendante de la présence de l'ânon, si celui-ci meurt, la lactation s'arrête.

Le sevrage se fait généralement quand l'ânon a entre 6 et 7 mois mais, selon les pratiques D'élevage, il peut se faire plus tard.

II.3. Lait d'ânesse

II.3.1. Histoire et utilisation du lait d'ânesse

L'usage du lait d'ânesse est en pleine expansion ces dernières années, on en trouve dans la plupart des produits de beauté (bio). Son usage remonte à plusieurs siècles, tant que pour la cosmétique que comme remède a de nombreux maux, chez l'homme. (LAUZIER, 2011).

II.3.1.1. Lait d'ânesse comme alicament

Depuis les grecs, le lait d'ânesse est considéré comme un excellent remède : Hippocrate le recommandait, par exemple, pour lutter contre les empoisonnements et les envenimations, les douleurs articulaires, la cicatrisation des plaies, etc.

On parle aujourd'hui d'alicament dans le sens où c'est un aliment qui peut servir dans le traitement de différentes maladies. Au 19^{ème} siècle, le lait d'ânesse était un remède à la mode, principalement chez les bourgeois car, à l'époque, il se vendait 8 anciens francs le litre .de nombreux établissements de vente de lait d'ânesse s'installèrent à Paris.

A Toulouse, il avait aussi des ânesses laitières de race Gasconne, avec un établissement en ville dédié aux ânesses en lactation et un autre à la campagne, pour l'élevage des ânonns et des femelles futures productrices. À cette époque, une tournée journalière était organisée (Figure 5), car les clients exigeaient que l'ânesse soit traite devant eux, des vendeurs peu scrupuleux diluants le lait avant la vente afin d'augmenter le rendement **(BAILLET, 1888)**.



Figure 5. Vente de lait dans les rues de Toulouse (BAILLET, 1888).

II.3.1.2 Nutrition infantile

Compte tenu de l'utilisation possible du lait d'ânesse comme traitement sûr et valide pour les nourrissons atteints d'allergie au lait de vache ou à d'autres aliments utilisés comme substituts possibles du lait humain, de nombreuses études ont été menées récemment dans le but de mieux caractériser le profil protéique du lait d'ânesse. (CUNSOLO *et al*, 2007a ; 2007b ; GUO *et al*, 1992 ; MARLETTA *et al*, 2007 ; VINCENZETTI *et al*, 2005 ; 2007 ; 2008) ont mis au point un dosage précis des caséines totales, des protéines de lactosérum, du lysozyme, de la lactalbumine et de la lactoglobuline dans le lait d'ânesse, de mouton et humain, et les résultats sont présentés au tableau 4.

Tableau 4. Détermination des protéines totales de lactosérum, des caséines totales, du lysozyme, de la lactalbumine et de la lactoglobuline dans le lait d'ânesse, de brebis et de l'homme (VINCENZETTI *et al*, 2007).

	ânesse (g/L)	brebis (g/L)	humain (g/L)
Total des protéines de	7,50	17,0	8,00
Nombre total de cas	6,60	39,0	5,60
Lysozyme	1,00	trace	indéetectable
β -lactoglobuline	3,75	A variant 16,7 B variant 11,0	----
α -lactalbumine	1,80	1,63	2,2

II.3.2 Propriétés du lait d'ânesse

II.3.2.1. Propriétés peu allergisantes

De nos jours, le lait d'ânesse n'est plus utilisé pour soigner les enfants syphilitiques, mais il recommence à l'être pour des enfants présentant une allergie aux protéines du lait de vache. Cette allergie est moins connue que celle au lactose, mais elle est pourtant l'allergie alimentaire la plus fréquente chez les enfants de moins de 3 ans, avec une incidence comprise entre 0,5 et 4%, la prévalence diminuant avec l'âge (CHIOFALO *et al*, 2006)

Chez l'enfant, les symptômes sont cutanés dans 50 à 70% des cas, des diarrhées et des vomissements dans 50 à 60% des cas et des problèmes respiratoires dans 20 à 30% des cas (CHIOFALO *et al*, 2006). La β -lactoglobuline est considérée comme la protéine la plus allergène chez les enfants, alors que c'est la caséine chez les adultes.

Les propriétés peu allergisantes du lait d'ânesse sont liées à sa faible quantité en caséine (proche de celle du lait maternel), mais aussi par une présence importante de lysozyme et de lactoferrine qui ont un rôle antibactérien et immuno-modulateur (CHIOFALO *et al*, 2006).

Des études sur la réalimentation des enfants avec une allergie aux protéines de lait de vache montrent que 80 à 95% des enfants nourris avec du lait d'ânesse voient leurs symptômes disparaître et ils reprennent du poids rapidement (TESSE *et al*, 2009 ; IACONO *et al*, 1992).

II.3.2.2 Activité anti-tumorale

Certaines fractions du lait d'ânesse étudiées permettent d'augmenter la production d'Interleukine-2 (IL-2), IL-6 et IL-1- β , d'Interféron- γ et de TNF- α , in vitro. De plus, elles auraient une action directe sur les cellules tumorales A549 du cancer du poumon. La fraction étudiée est riche en lysozyme et c'est cette molécule qui procurerait une activité anti-tumorale au lait d'ânesse (MAO *et al*, 2009).

II.3.2.3 Breuvage fermenté

Le lait d'ânesse cru contient très peu de micro-organismes, principalement à cause de sa forte teneur en lysozyme. Il a été montré qu'il était possible de faire des laits fermentés type koumis avec des *Lactobacillus* (*Rhannosus* et *Casei*) (CHIAVARI *et al*, 2005 ; COPPOLA *et al*, 2002). Ces laits fermentés permettraient d'avoir en un produit les propriétés thérapeutiques du lait d'ânesse et un apport en probiotiques. (CHIAVARI *et al*, 2005)

II.3.2.4. Lait d'ânesse en cosmétique

On se souvient que Cléopâtre se servait du lait d'ânesse pour prendre des bains. Elle n'était pas la seule, Poppée, épouse de Néron, entretenait un troupeau de 500 ânesses destiné uniquement à cet usage. En France, le lait d'ânesse est surtout destiné à la réalisation de cosmétiques. Pour le moment on ne dispose que de très peu de données scientifiques sur l'efficacité réelle du lait d'ânesse dans ce domaine.

Cette production s'appuie sur une mode issue de la légende de Cléopâtre, mais aucune preuve n'a jamais été apportée de son intérêt. De plus, la plupart des savons vendus dans le commerce contiennent moins de 5% de lait d'ânesse, pour des raisons techniques de conservation. (VALY LAURE, 2012)



Figure 6. Quelques produits cosmétiques fabriqués par le lait d'ânesse

II.4. Races asines

Comme pour l'élevage de tous les animaux, l'élevage d'ânes avait tendance à avoir un but : développer un animal adapté à son travail et à son environnement. Cela a naturellement entraîné beaucoup de variations. Avec l'évolution des temps, le travail des ânes a changé, et même souvent l'environnement, car les ânes sont maintenant utilisés dans des environnements où ils n'avaient pas été utilisés auparavant (**BLENCH, 2004**). Beaucoup de races anciennes disparaissent donc, surtout en Europe où elles ont été bien enregistrées. Cela ne signifie pas que les ânes eux-mêmes disparaissent ; dans de nombreuses régions du monde, il existe de nombreuses preuves de l'augmentation de la demande d'ânes (Jones, 2004). Si de nouvelles races émergent, ce sera parce que de nouvelles caractéristiques sont devenues importantes chez les ânes.

En outre, il existe d'autres races connues en Afrique mentionnées dans une compilation d'études de **YARKIN, 1962 ; GROVES, 1974 ; SQUANCE, 1997 ; CAMAC, 1997a et b ; FIELDING et KRAUSE, 1998 ; HUTCHINS et al, 1999 ; EBANGI et VALL, 2004 ; KUGLERET al, 2009 ; RAZIQ et al, 2010**. Les races mentionnées ici sont triées par Noms usuels, Taille acceptée (hauteur au garrot, etc.), Couleur/s et marques acceptées, caractéristiques physiques et autres caractéristiques (comportementales, y compris utilisation) :

- ❖ **Âne de Cameroun** : Caractérisé par 110 cm pour la longueur du corps, 108 cm pour la circonférence du cœur, 135,8 cm pour la longueur du tronc, 1,08 cm pour la hauteur du garrot et 123,5 kg environ de poids.

- ❖ **Âne d'Afrique de l'Est** : Caractérisé par <102 cm de hauteur au garrot, il est gris, brun ou rougeâtre, il a eu une mauvaise confirmation et rustique.

- ❖ **Âne marocain** : Caractérisé par 91-122 cm pour la hauteur du garrot, ils sont généralement gris clair avec des rayures foncées prononcées et rayures sur les jambes.

- ❖ **Âne éthiopien indigène** : Ils sont petits, avec un couloir marron à noir, avec la tête lourde, le nez romain. Ce sont des animaux de meute.

- ❖ **Âne nigérien** : Ils sont petits, avec couleur brun et ordinaire.
- ❖ **Âne nubien** : Caractérisé par 122 cm de longueur du corps et ils sont sauvages.

- ❖ **Âne somalien** : Caractérisé par une longueur de corps de 142,25 cm, il pourrait être gris, robe d'été glauque-basse. Pas de croix, mais rayures de jambe très proéminentes.

- ❖ **Âne de Sennar** : Ils sont gris pâle et bon pour l'équitation.

- ❖ **Âne domestique du Somaliland** : Caractérisé par une longueur de corps de 102 cm, grossier, commun et utilisé pour le « travail ordinaire ».

- ❖ **Âne d'Afrique du Sud** : Ils sont petits, ils peuvent avoir des couleurs noirs, marron, bruns ou gris clair. C'est un animal commun.

- ❖ **Âne d'équitation soudanais – atabai de sous-race** : Caractérisé par 102-112 cm pour la longueur du corps. Elles sont grises, blanches, rougeâtres ou brun foncé et souvent sans croix.

- ❖ **Âne d'équitation soudanais – kassala de sous-race** : Se caractérise par une longueur de 102 à 112 cm et ils sont « plus grands » avec une robe rougeâtre et une croix.

- ❖ **Âne d'équitation soudanais – massawa de sous-race** : Caractérisé par 102-112 cm de longueur du corps et presque blanc et ce sont des ânes de selle.

- ❖ *Âne égyptien blanc - baladi de la Basse-Egypte* - Caractérisé par 122-142,25 cm de longueur du corps, robe blanche ou grise et connu depuis l'époque biblique et soigneusement élevé, « à l'origine appelé l'âne de Damas blanc et était le mont des rois ». Ils sont maintenant utilisés pour tout.

- ❖ *Âne égyptien blanc – Hassawi* : Se caractérise par une longueur de corps de 122 à 142,25 cm, un manteau blanc ou gris, et c'est l'animal de selle commun.

III. Biodiversité et ressources zoogénétique

III.1. Importance de la biodiversité des animaux d'élevage

La biodiversité en agriculture est le résultat de milliers d'années d'activité dont l'homme a essayé de subvenir à ses besoins dans des conditions climatiques et des systèmes écologiques très différents.

L'élevage est devenu un élément important du système de production Agricole, particulièrement important dans les environnements défavorables aux cultures, C'est difficile, voire impossible. Pour les éleveurs, la diversité génétique animale représente une ressource pour sélectionner les animaux et développer de nouvelles races. Plus largement, les populations d'animaux d'élevage génétiquement différents permettent l'entreprise dispose d'un plus large éventail d'options pour relever les défis des années à venir.

Depuis 1960, l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) a offert d'aider les pays à caractériser leurs ressources zoogénétiques l'alimentation et l'agriculture et l'élaboration de stratégies de conservation. En 1990, le Conseil de la FAO a recommandé un plan global pour Gestion durable des ressources zoo génétiques dans le monde entier.

La caractérisation des ressources zoogénétiques couvre toutes les activités liées à identification, description qualitative et quantitative et documentation des populations animales. L'objectif est de mieux connaître les ressources zoogénétiques animale, leurs utilisations alimentaires et agricoles actuelles et futures dans des environnements spécifiques, et leur état actuel en tant que populations raciales différentes (FAO, 1984 ; REGE, 1992).

Au niveau national, la caractérisation comprend l'identification des ressources zoogénétiques des pays, et étude de ces ressources. Le processus comprend également, documentation systématique des informations collectées pour faciliter l'accès. Actions des caractéristiques devraient favoriser la conception de prévisions objectives et fiables pour la performance animale dans des environnements spécifiques et ainsi comparer les performances potentielles au sein des différents systèmes de production d'un pays ou d'une région. Il s'agit donc d'un travail plus approfondi que la simple collecte de rapports existant (REGE, 1992).

Les informations obtenues à partir du processus de caractérisation facilitent la prise de décisions éclairées sur les priorités de gestion des ressources par différents groupes d'intérêt, y'a compris les agriculteurs, les gouvernements nationaux et régionaux et les organisations internationales (FAO, 1992 ; FAO / PNUE, 1998). Ces décisions politiques visent à promouvoir le développement des ressources zoogénétiques tout en veillant à ce que ces ressources soient protégées pour les besoins des générations présentes et futures.

III.2. Origine de la diversité génétique :

La diversité génétique est basée sur la variabilité des gènes entre ou au sein des espèces et de leurs populations. L'intérêt actuel pour la biodiversité est le support de base sur lequel la sélection peut opérer, on suppose que plus la diversité d'un groupe d'individus (sous-populations, population, espèces) est grande, plus il sera facile pour certains individus de s'adapter aux nouvelles conditions environnementales. En plus de permettre plus une grande adaptabilité des individus réduira également la dépression de la consanguinité et réduira ainsi le risque d'extinction (FRANKHAM, 2005). L'origine de la diversité génétique est le résultat de changements dans la séquence d'ADN (polymorphisme génétique) et l'influence environnementale (évolution) (STOCKWELL *et al*, 2003).

III.2.1. Processus évolutifs affectant la variabilité génétique des populations

Au sein d'une espèce donnée et à un moment donné, la variabilité génétique est divisée en composantes intra-population et composantes inter-population. Les phénomènes vécus par la population peuvent affecter l'évolution de l'une ou l'autre composante dans le temps. D'une part, l'isolement des populations et le maintien de leurs effectifs limités (dérive génétique), d'autre part, le croisement (migration) entre populations à un effet inverse sur la variabilité. La sélection a tendance à augmenter la variabilité entre les populations car différentes populations sont sélectionnées à des fins différentes. Elle tend à réduire la variabilité intra-population, soit directement en établissant des déséquilibres dans l'association des gènes et en fixant certains allèles (mais lorsque les allèles sélectionnés sont rares, la sélection conduit à une augmentation temporaire de la variabilité) ou indirectement. Mettant l'accent sur le phénomène de dérive génétique (VERRIER *et al*, 1989).

Enfin, les mutations constituent un facteur de nouveauté qui affecte les deux composantes de la variabilité, mais elles ne sont sensibles que pendant une longue période, et

d'autres forces évolutives (dérive génétique, sélection ...) conduisent à une augmentation des mutations. Fréquence des mutations alléniques.

III.2.2. Forces évolutives

Le niveau de diversité génétique et les changements de fréquence des allèles de la population dépendent des effets respectifs de trois forces évolutives en interaction : la dérive génétique, la migration et la sélection. Ils sont à l'origine de la diversité génétique et de son évolution.

III.2.2.1. Dérive génétique

Dans une population limitée, la transmission d'une génération à l'autre constitue l'échantillonnage des gènes. Ce phénomène de dérive génétique, introduit par **WRIGHT** en **1968**, est défini par la fluctuation de la fréquence des gènes d'une génération à l'autre (variation dans le temps) dans une population. L'évolution de la fréquence des gènes peut être considérée comme un processus aléatoire (pas de sélection en faveur de l'un ou l'autre allèle). Les conséquences suivantes peuvent survenir :

- ✓ Lorsque le nombre de générations passées augmente, la différence de fréquence des gènes entre les sous-groupes augmente également ;
- ✓ Le taux d'hétérozygotie moyen (calculé sur la base de la population globale) a diminué ;
- ✓ Après un grand nombre de générations, l'un des deux allèles est fixé chez certains individus de la population et perdu chez d'autres individus, de sorte que le polymorphisme entre eux est réduit (**ROGNON et VERRIER, 2007**).

L'évolution d'une population soumise à une dérive génétique est le résultat d'échantillons successifs. Par conséquent, dans les populations contenant plusieurs sous-populations, la dérive génétique peut entraîner certaines différences génétiques entre les sous-populations (**HARTL et CLARK, 1997**). (**Figure 7**).

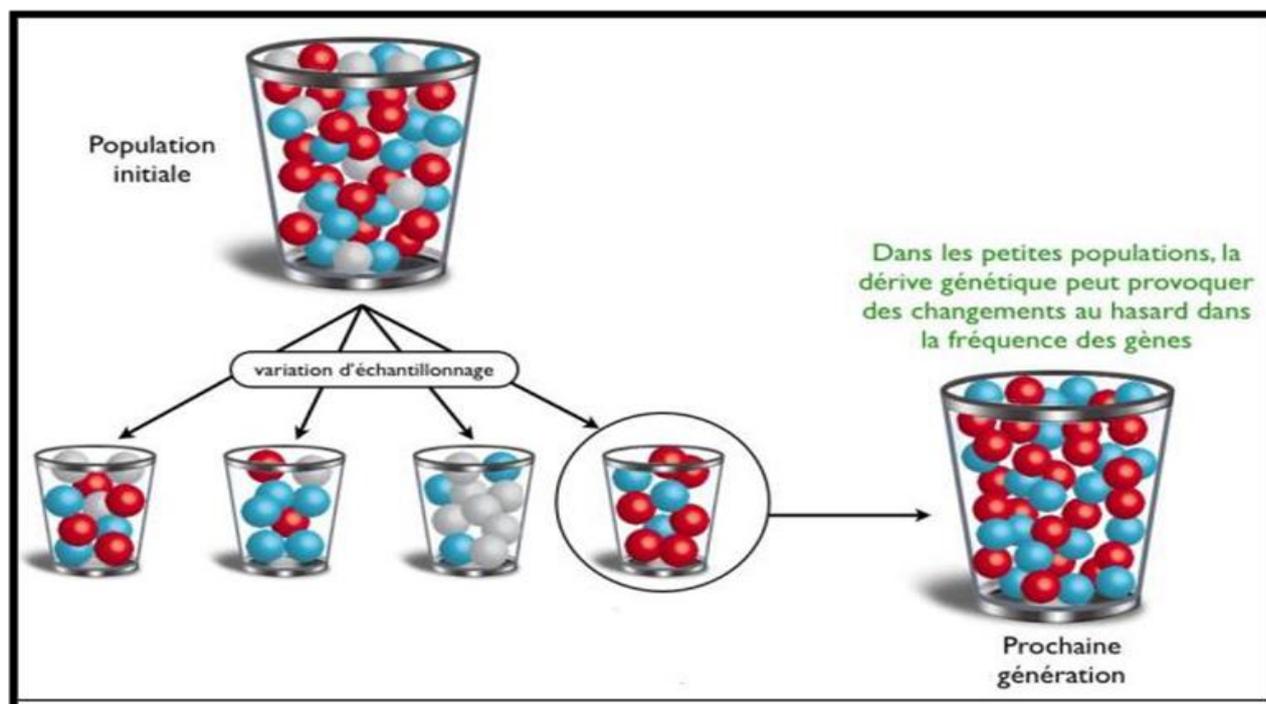


Figure 7. Phénomène de dérive génétique affecte les petites populations (BUCHETON *et al*, 2008).

III.2.2.2. Migration et mutation

Ces deux phénomènes sont de nature complètement différente. Cependant, leurs conséquences sur la constitution génétique de la population sont qualitativement les mêmes en ce qu'elles sont des facteurs de nouveauté. Cependant, leur effet quantitatif n'est pas du tout du même ordre de grandeur.

III.2.2.3. Migration

La migration fait référence au mouvement d'organismes entre des populations non fermées, qui représente en quelque sorte le ciment qui maintient la population génétiquement uniforme et fixe la limite de la différenciation génétique (HARTL et CLARK, 1997). Parfois, la migration peut être unidirectionnelle. Dans ce cas, la fréquence allélique de la population d'origine restera inchangée dans le temps, ce qui est différent de la fréquence allélique de la population receveuse. Aux premiers stades de la différenciation entre les sous-populations, un faible taux de migration suffit à retarder la différenciation à moins qu'il n'y ait une option de différenciation forte entre les reproducteurs de la population d'origine et la population receveuse. (NEI, 1987).

Par conséquent, la migration semble être un moyen rapide de modifier la fréquence des gènes. C'est aussi l'un des intérêts du croisement. En effet, à moins qu'il n'y ait une différence initiale entre les deux populations, il n'y a pas de changement significatif de fréquence (**ROGNON et VERRIER, 2007**).

En fournissant un flux génétique externe régulier, la migration peut éviter la perte de certains allèles (au moins les allèles qui existent dans les populations d'immigrants). De plus, lorsque la population immigrante est vraiment importante et que les immigrants ne sont pas liés les uns aux autres, les immigrants détruisent la relation d'identité génétique au sein de la population d'accueil (**ROGNON et VERRIER, 2007**).

III.2.2.4. Sélection naturelle

La sélection naturelle est un mécanisme qui contribue à l'évolution des espèces. Il classe les individus dont la survie et la reproduction diffèrent dans un environnement donné. Par conséquent, il augmente la fréquence avec laquelle le phénotype le plus favorable est utilisé pour la survie et la reproduction (et a donc une plus grande vigueur), tandis que le phénotype le moins approprié a tendance à disparaître. En effet, pour agir, il faut :

- ✓ Les individus de la population ne sont pas exactement les mêmes (variation des traits),
- ✓ Une partie de cette variation affecte les traits liés à la survie et / ou à la capacité de reproduction,
- ✓ Les différences de survie / reproduction sont dues à des variations génétiques héréditaires (par conséquent, ces différences doivent être contrôlées par des gènes transmis de génération en génération).

Les porteurs de mutations bénéfiques ont plus de descendants, et les descendants auront plus de descendants, et ainsi de suite, résultant en des individus qui s'adaptent à l'environnement. Quant à la sélection artificielle, les humains ont procédé à une sélection artificielle d'espèces domestiquées, ce qui est sans aucun doute une affaire depuis le début de la domestication. Contrairement à la migration et à la dérive génétique qui affectent l'ensemble du génome, la sélection n'agit que sur certains loci et leurs voisinage direct (loci physiquement et / ou fonctionnellement liés).

III.3. Méthodes de caractérisation des animaux d'élevage :

Les caractéristiques des ressources zoogénétiques couvre toutes les activités liées à l'identification, description qualitative, quantitative et documenter les populations raciales et les habitats naturels et les systèmes de production auxquels ils sont ou non adaptés. L'objectif est de mieux comprendre les ressources zoogénétiques, leurs utilisations présentes et futures probables dans l'alimentation et l'agriculture dans des environnements spécifiques, et leur statut actuel en tant que population multi-races (FAO, 1984 ; REGE, 1992).

Au niveau national, la caractérisation comprend l'identification des ressources zoogénétiques du pays et l'étude de ces ressources. Le processus comprend également une documentation systématique des informations collectées pour un accès facile. Les activités de caractérisation devraient promouvoir des prévisions objectives et fiables des performances des animaux dans un environnement défini afin de comparer les performances potentielles dans différents systèmes de production dans un pays ou une région. Il ne s'agit donc pas d'un simple recueil de rapports existants, mais d'un travail plus approfondi.

Généralement, les espèces animales sont caractérisées selon les aspects suivants La méthode dépend du fait que les caractéristiques à étudier ont une signification économique et peuvent être simples ou Difficile à déterminer ; phénotype (caractéristiques biologiques morphologiques), biochimiques ou Immunogénétique (polymorphisme des protéines sanguines), cytogénétique (quantité, forme et Anomalies chromosomiques) ou des molécules (directement situées dans ADN).

III.3.1. Méthode morphométrique :

Le phénotype désigne simplement l'observation des caractéristiques animales (couleur, cornée, côté des plumes ...) ou des mesures morphologiques (taille, poids, nombre de rayons sur la nageoire ...) ou des performances (vitesse de croissance, production laitière ...). L'avantage de ce type d'information est que sa collecte d'informations est généralement simple et peu coûteuse, elle peut donc être effectuée sur un grand nombre d'animaux. Ce phénotype nous donne accès à la variabilité des gènes responsables de la variabilité des traits observés. Ces traits peuvent avoir un déterminisme simple (régé par un ou même deux locus et non influencé par l'environnement), la variabilité observée peut alors être facilement interprétée, mais n'affecte que quelques gènes responsable(s). De plus, ces caractéristiques sont des

caractéristiques qui peuvent standardiser les races animales. Le reste des caractères est à déterminisme complexe. (Contrôlés par un certain nombre de locus et plus ou moins affectés par l'environnement). Le passage de la variabilité observée à la variabilité génétique nécessite une prise en compte appropriée des impacts environnementaux. De plus, les caractères mesurés font généralement l'objet d'une sélection (**ROGNON et VERRIER, 2007**).

III.3.2. Méthodes biochimiques et moléculaires

Deux types de marqueurs sont connus. D'une part, les marqueurs biochimiques (protéines et groupes sanguins) qui accèdent aux effets primaires des gènes. En revanche, les marqueurs moléculaires (minisatellites, microsatellites et SNP "polymorphismes nucléotidiques simples" ...) donnent un accès direct aux polymorphismes de l'ADN. Dans les deux cas, l'échantillonnage des animaux doit être planifié et des échantillons biologiques prélevés.

Le plus grand avantage des marqueurs moléculaires est qu'ils peuvent décrire directement la variation génétique, y compris les dimensions multi-locus. Au cours des dernières décennies, il est devenu évident que les outils biochimiques et moléculaires fournissent les techniques de choix pour étudier les structures génétiques et l'histoire évolutive des organismes. De nombreux champs de recherche sont créés à cause de l'application des méthodes développées dans le domaine de la génétique des populations aux populations domestiques.

III.3.2.1. Marqueurs biochimiques

a. Groupes sanguins

La première démonstration de variabilité biochimique a été réalisée au début du siècle dernier sur des groupes sanguins ABO humains. Pour les équins, les ovins et les bovins, on connaît respectivement 8 et 13 systèmes sanguins, répartis sur plusieurs loci polymorphes (**DELACRETAZ-WOLFF, 1997**).

Chez les chevaux, les marqueurs sanguins génétiques sont principalement utilisés pour l'identification et les tests de paternité (contrôle de filiation). Ils ont été utilisés pour établir le contrôle de paternité chez les chevaux marocains Barbe et Arabe-Barbe (**OURAGH et al, 1994**).

b. Protéines

À l'aide de la technologie d'électrophorèse sur gel, des variantes de protéines peuvent être mises en évidence. Cette technique est basée sur la migration différentielle des protéines à travers le gel sous l'action d'un champ électrique. L'étude des variantes protéiques ou isoenzymes (enzymes sériques, érythrocytaires et tissulaires) est devenue par la suite un outil standard pour la mutation graduée et a fourni le premier moyen non biaisé pour estimer la variabilité génomique. Ces marqueurs ont été (et sont toujours) largement utilisés dans la recherche en génétique des populations. En fait, 15% des études de caractérisation récentes ont été réalisées à l'aide d'isoenzymes (**BAUMUNG et al, 2004**).

Seules les mutations qui provoquent des changements dans la charge protéique seront détectées, soit environ 8% des mutations d'ADN. La technique est simple et peut être mise en œuvre sans aucune connaissance de la génétique des espèces. La limitation est que le nombre de loci analysés est faible (entre 20 et 50 loci, aucun de ces loci n'est polymorphe), et de plus, ils ne sont pas tous accessibles (**ROGNON et VERRIER, 2007**).

III.3.2.2 Marqueurs moléculaires

a. Introduction

Les progrès de la génétique moléculaire et la fourniture d'outils et de techniques de biologie moléculaire permet désormais de mettre l'accent sur la variation génétique Niveau ADN. Ces dernières années, l'utilisation de marqueurs génétiques a augmenté, notamment en raison des marqueurs microsatellites et de leur caractérisation par des réactions PCR et des SNP à l'aide de puces à ADN. Ces marqueurs permettent la construction des cartes génétiques denses chez l'homme et de nombreuses espèces animales.

Les marqueurs sont utilisés pour décrire la variation génétique et sa distribution dans les populations et les espèces, ainsi que le mécanisme d'évolution des populations. Réflète cette description. Le choix des marqueurs dépend d'un ensemble précis d'objectifs et de moyens des utilisateurs.

b. Concept de marqueurs moléculaires

Les marqueurs génétiques peuvent distinguer plusieurs génotypes à un locus donné. Diffusion selon la loi mendélienne. Il correspond à une séquence d'ADN et peut exister sous différentes formes ou allèles.

Aujourd'hui, de nombreux marqueurs génétiques peuvent être trouvés et organisés en cartes génétiques pour la plupart des espèces animales.

Les caractéristiques principales des marqueurs génétiques (polymorphisme et liaison génétique) permettent d'identifier et de suivre les fragments chromosomiques et de détecter les principaux QTL et QTN impliquant le déterminisme génétique des traits d'intérêt.

- ✓ Le polymorphisme détermine l'origine parentale d'un allèle à un locus donné. Par conséquent, nous pouvons distinguer le locus de la mère et le locus du père.
- ✓ La liaison génétique peut généraliser les observations d'un locus spécifique à n'importe quels fragments d'ADN entourant le locus. La taille de ce segment correspond à la région chromosomique sur lequel aucune recombinaison n'a été observée entre le locus et le segment qui l'entoure. Le locus devient un marqueur du fragment et de tous les gènes qu'il contient. Plus le marqueur est efficace, plus le fragment ciblé est court, ce qui limite le taux de recombinaison entre le gène et le marqueur.

Les techniques de détection du polymorphisme sont apparues dans les années 1980 avec le développement de la détection RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) (**BOTSTEIN et al, 1980**). Les RFLP sont largement utilisés, mais dans la pratique, ils se sont révélés assez limités et difficiles à réaliser à grande échelle. Seule la découverte de microsatellites a permis de réaliser des projets de cartographie génomique à grande échelle. L'avènement des puces à ADN a encore amplifié ce phénomène.

c. Marqueurs de l'ADN mitochondrial

L'ADN mitochondrial (ADNmt) peut être transmis à la mère sans recombinaison, ce qui peut accumuler des mutations dans chaque lignée (**HARRISON, 1989**). On pense que son taux d'évolution est 5 à 10 fois plus rapide que celui de l'ADN nucléaire (**BROWN et al, 1979 ; VAWTER et BROWN, 1986**). Presque toutes les séquences d'ADN mt sont codées, ces gènes sont continus et ne contiennent pas d'introns.

Les parties non codantes sont limitées à des séquences courtes et une partie plus longue correspondant à l'origine de réplication (boucle D). Plusieurs études ont montré que l'utilisation de polymorphismes dans la partie très variable de l'ADN mitochondrial peut être utilisée efficacement pour l'identification intraspécifique et interspécifique (**KAVAR et al, 2002 ; BOWLING et al, 2000 ; HILL et al, 2002 ; YANG et al, 2002 ; ABERLE et al, 2007**). Selon les recherches menées par **BAUMUNG et al, (2004)**, 37% des études de caractérisation sont basées sur des études de polymorphisme de l'ADNmt.

d. Marqueurs RFLP

La méthode de démonstration du marquage RFLP (polymorphisme de longueur des fragments de restriction) combine l'utilisation d'enzymes de restriction et de sondes génétiques (**BOTSTEIN et al, 1980**). Cette méthode est laborieuse dans sa forme initiale ou méthode méridionale et ne peut pas traiter facilement un grand nombre d'individus. Cependant, l'utilisation de cette méthode en combinaison avec la PCR permet d'étudier les polymorphismes de restriction de nombreux gènes (**KLUNGLAND et al, 1995 ; LAGZIEL et al, 2000**). Ces marqueurs sont toujours utilisés. **BAUMUNG et al, (2004)** estiment que 17% des recherches utilisent ces marqueurs pour caractériser les races domestiques.

e. Marqueurs RAPD

Un autre type de marqueur moléculaire RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) récemment développé est basé sur la preuve du polymorphisme généré par amplification aléatoire de fragments d'ADN à l'aide d'amorces dont les séquences ont été arbitrairement définies (**WILLIAMS et al, 1990**). Cette méthode est généralement utilisée dans la cartographie phytogénétique et la génétique des populations. Elle peut générer des marqueurs dominants (pour un locus donné, il n'y a pas de différence entre homozygote et hétérozygote).

RAO et ses collaborateurs, (1996) ont utilisé la méthode RAPD pour distinguer génétiquement les espèces domestiquées à l'échelle intraspécifique. **RINCON et al, (2000)** ont utilisé des marqueurs RAPD pour étudier la variabilité génétique des races créoles bovines. Cependant, la reproductibilité et la dissémination de ce marqueur limitent son application chez les animaux (**BLACK, 1993 ; KARP et al, 1996**).

f. Marqueurs AFLP

Les marqueurs AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) ont été étudiés par une méthode développée en 1995 (VOS *et al*, 1995). Il s'agit d'une technique liée à la technique utilisée pour RAPD. Il est basé sur une amplification sélective de fragments de restriction obtenus par digestion d'ADN génomique. Son principe général repose sur trois phases successives : digestion-ligature, amplification pré-sélective et amplification sélective. Le produit final de ces amplifications est visualisé sur un gel de polyacrylamide grâce aux extensions d'amorce fluorescentes. A l'instar de la technique utilisée pour RAPD, la technique AFLP ne nécessite aucune connaissance préalable du génome étudié. Il permet un développement rapide, présente une bonne reproductibilité et génère un grand nombre de marqueurs (VOS *et al*, 1995 ; AJMONE-MARSAN *et al*, 1997).

Parmi les marqueurs moléculaires, ces derniers sont les moins utilisés dans la caractérisation, 7% des études de caractérisation des races domestiques sont réalisées à l'aide de l'AFLP (BAUMUNG *et al*, 2004).

g. Marqueurs minisatellites

Un autre type de marqueur moléculaire polymorphe connu sous le nom de minisatellites hypervariables a été découvert dans les années 1980 (JEFFREYS *et al*, 1985). Ces minisatellites sont constitués de répétitions de chaînes en tandem d'un motif allant de 15 à 70 nucléotides de longueur. Ces séquences, avec un nombre variable de répétitions, sont appelées mini-satellites par analogie avec le « vrai » ADN satellite, qui se situe au niveau de l'hétérochromatine. Les mini satellites appartiennent à la catégorie VNTR (nombre variable de répétitions en tandem). En raison de la variation du nombre de motifs récurrents les constituant, ils présentent des polymorphismes grands et petits. Ces éléments sont largement distribués dans les génomes de mammifères, avec une moyenne d'un minisatellite apparaissant tous les 100 kb. La technique d'étude de ces éléments est appelée technique d'empreinte génétique, qui a été largement utilisée en génétique des populations.

Par conséquent, TROMMELEN *et al*, (1993) proposent des minisatellites comme outil d'identification de la paternité chez les bovins. Cependant, des difficultés avec les quantités d'ADN requises, la visualisation et l'identification des allèles ont rapidement limité l'utilisation de ces marqueurs.

h. Marqueurs microsatellites

L'une des principales méthodes utilisées aujourd'hui est de mettre en évidence le polymorphisme du locus microsatellite ou STR (simple répétition en tandem). Cette dernière est une séquence d'ADN composée de répétitions en tandem de motifs de 1 à 6 Pb (CHAMBERS et MACAVOY, 2000) (Figure 8).

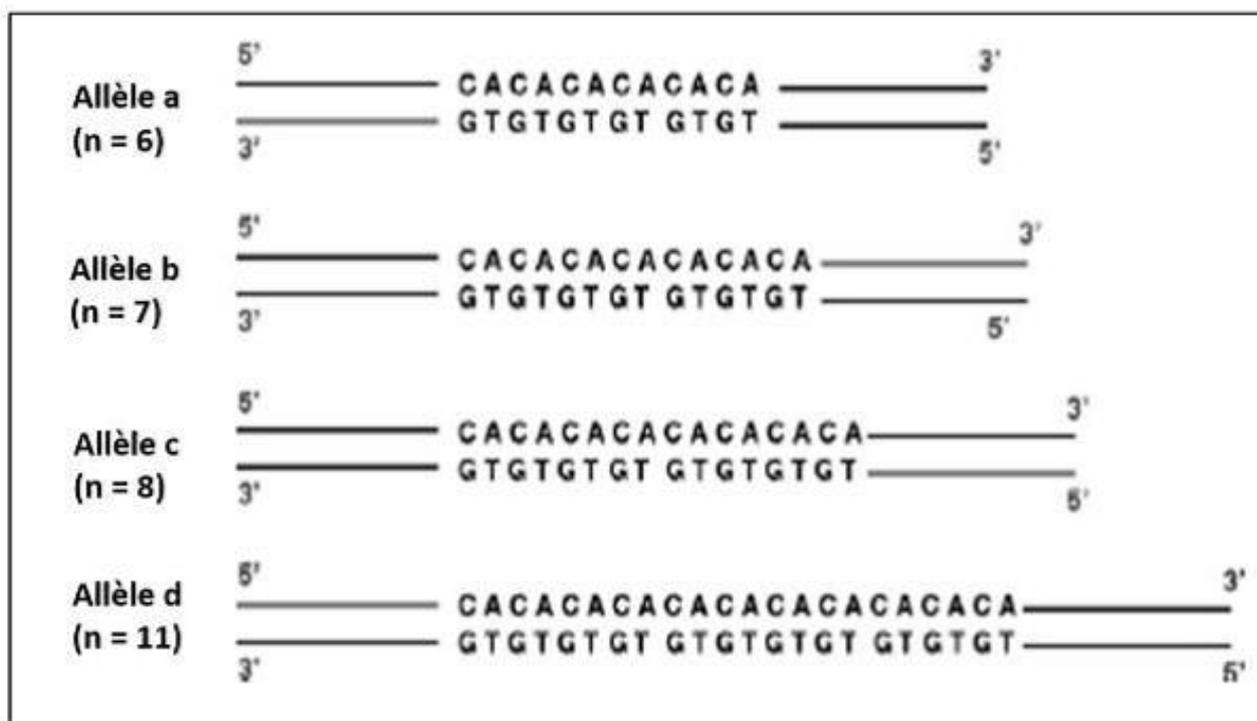


Figure 8. Séquence contenant une répétition GTn (BAUTISTA SALAS, 2009).

En raison de leurs caractéristiques biologiques et techniques, ces loci sont devenus des marqueurs de sélection pour analyser la diversité entre races. En effet, chez les eucaryotes, les microsatellites sont très abondants (de 50 à 100 000 selon les espèces) et sont bien répartis dans le génome (ROGNON et VERRIER, 2007).

Le nombre de microsatellites de type (TG) est le plus important, et leur fréquence varie selon les espèces considérées (BECKMAN et WEBER, 1992). Les polymorphismes de ces séquences sont des polymorphismes de longueur, qui sont provoqués par des changements dans le nombre de répétitions du motif de base. Concernant le processus de sélection, les microsatellites présentent une distribution uniforme sur le génome, avec des points communs, des allèles multiples et une neutralité a priori.

Outre ces caractéristiques, du fait du taux de mutation élevé, le polymorphisme de ces marqueurs est également élevé, car en moyenne, on peut considérer le taux de mutation de chaque site, de chaque gamète et de chaque génération d'environ 10^{-4} mutations (**BOICHARD *et al*, 1998**). Ces mutations peuvent être produites par deux mécanismes, à savoir la recombinaison inégale qui constitue le premier mécanisme.

En effet, les erreurs de mésappariement sont courantes dans les régions de répétition en tandem, étant donné la forte homologie de séquence entre les répétitions. Chaque croisement au cours de ces mésappariements provoque une augmentation du nombre de répétitions sur une chromatide et une diminution du nombre équivalent de répétitions sur l'autre (**COOPER *et al*, 1995**).

Le deuxième mécanisme capable de générer des mutations est le glissement intra-chromatidien (slippage), qui a été décrit par **LEVINSON et GUTMAN en 1987 (Figure 9)**. Ce modèle se compose de trois étapes :

- **Étape initiale** : le brin complémentaire de la séquence répétitive est synthétisé par la polymérase.
- **Étape de dissociation** : Lorsque la polymérase traverse la région de répétition, le brin nouvellement synthétisé est dissocié du brin matrice.
- **Étapes de ré-hybridation et erreurs d'alignement** : Deux cas sont possibles : l'ajout d'unités répétitives : l'extrémité 3' du brin nouvellement synthétisé est réhybridée avec la région complémentaire en amont du brin matrice. Un anneau est donc formé dans la nouvelle chaîne. Par conséquent, la polymérase ajoutera des unités de répétition supplémentaires. La deuxième hypothèse est d'éliminer les unités répétitives : ce mécanisme est presque le même que l'ajout d'une unité, sauf que le cycle se fait au niveau du brin matrice. Par conséquent, la polymérase synthétisera une séquence moins répétitive.

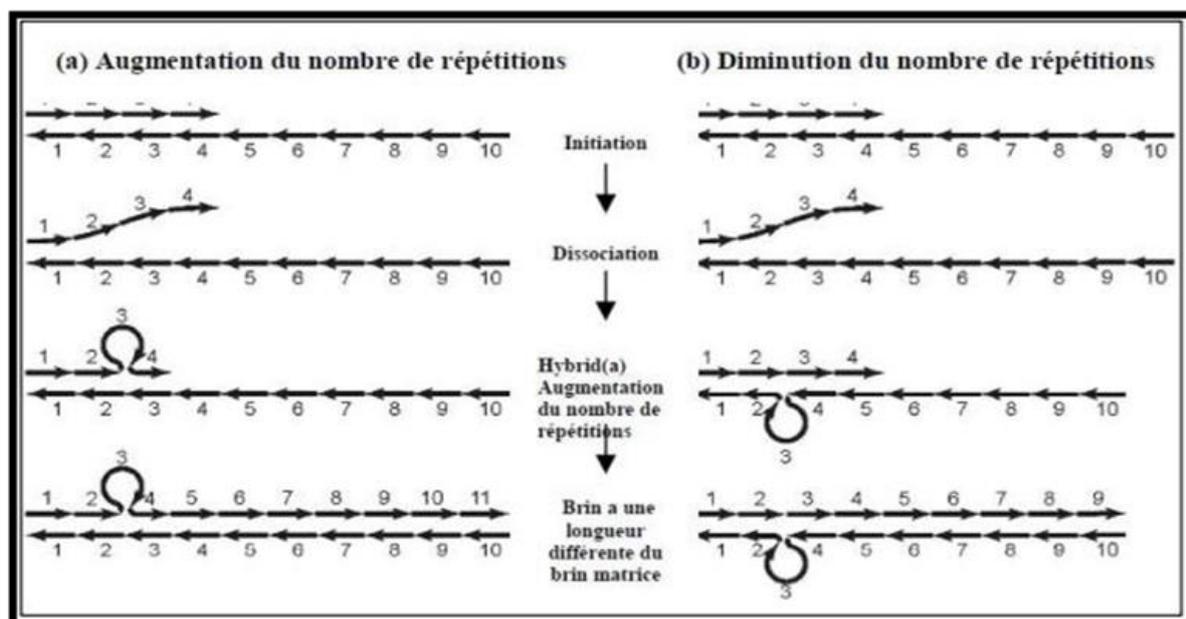


Figure 9. Modèle de "slippage réplication" permettant d'expliquer l'augmentation ou la diminution du nombre de répétitions dans un microsatellite (BAUTISTA SALAS, 2009).

Outre leurs propriétés génétiques, les microsatellites ont une grande importance technique. En effet, le génotypage des microsatellites est basé sur l'utilisation de la technique PCR, une procédure relativement simple et rapide suivie d'une migration des fragments amplifiés sur un gel d'acrylamide. Plusieurs locus peuvent être testés simultanément lorsque les amorces utilisées sont marquées avec des fluorophores de couleurs différentes (PCR multiplex). Ces caractéristiques techniques facilitent donc l'utilisation de microsatellites pour des études de population à grande échelle.

L'intérêt pour l'utilisation de microsatellites dans la recherche en génétique des populations est récent. Les microsatellites ont d'abord été utilisés dans l'étude des populations humaines, puis utilisés dans les races domestiques pour évaluer la variabilité génétique au sein et entre les races (OLLIVIER *et al*, 2000).

En effet, le potentiel des microsatellites comme marqueur pour mesurer la variabilité génétique des populations semble considérable (BRUFORD *et* WAYNE, 1993). Il y a de plus en plus de recherches sur la variabilité génétique des différentes espèces basées sur les microsatellites, ce qui montre que dans les systèmes disponibles aujourd'hui, les microsatellites sont très efficaces pour caractériser et étudier la relation phylogénétique entre les populations. Ils sont utilisés en raison de leur stabilité biologique, de leur taux de mutation

élevé et de leur dispersibilité dans le génome. Ces marqueurs sont largement utilisés dans les études de caractérisation du bétail. **BAUMUNG et al, (2004)** ont estimé que 90% de ces études utilisaient ces marqueurs.

Actuellement, pour la plupart des animaux domestiques, la FAO a publié une liste de références pour les locus microsatellites (**FAO, 2004**) pour comparer les résultats d'analyses obtenues par différentes espèces animales et plusieurs groupes de recherche dans le monde.

De plus, l'une des applications les plus développées des microsatellites chez les animaux d'élevage est aujourd'hui la détection de gènes majeurs ou de groupes de gènes impliqués dans le déterminisme des traits économiques de QTL (Quantitative Trait Locations) tels que la production de viande, la production de lait, la résistance aux maladies, la croissance ... etc. En effet, l'identification de ces régions permettra d'établir une sélection assistée par marqueurs moléculaires pour améliorer l'efficacité de la sélection animale (**MONTALDO et MEZA-HERRERA, 1998**).

La variation génétique est réduite dans les populations qui ont subi la pression de sélection. le but est de conserver ce dernier afin de poursuivre le progrès génétique sur le QTL qui a été sélectionné, ou de retransformer l'objectif de sélection en caractères rarement ou non considérés. Aujourd'hui. Cette gestion peut être réalisée grâce à l'utilisation des microsatellites.

i. Marqueurs SNP

Les SNP sont utilisés comme alternative aux microsatellites dans les études de diversité génétique. Plusieurs technologies de détection et de typage des marqueurs SNP sont disponibles (**SYVÄNEN, 2001**). En tant que marqueur biallélique, le SNP a une quantité d'informations relativement faible. Pour atteindre le niveau d'information d'un panel standard de 30 locus microsatellites, un plus grand nombre doit être utilisé. Cependant, l'évolution des technologies moléculaires augmente le degré d'automatisation et réduit le coût du typage SNP, ce qui dans un proche avenir permettra probablement l'analyse parallèle d'un grand nombre de marqueurs à un coût réduit. Dans cette perspective, des projets à grande échelle pour plusieurs animaux d'élevage sont mis en œuvre pour identifier des millions de SNP (par exemple, (**WONG et al, 2004**), vérifier des milliers de SNP et identifier des haplotypes dans le génome. De même, pour les informations de séquence, SNP permet une comparaison

directe et une analyse conjointe de différentes expériences. Les SNP peuvent être des marqueurs intéressants pour les études de diversité génétique car ils peuvent facilement être utilisés pour l'évaluation de la variation fonctionnelle ou neutre. Cependant, l'étape initiale de recherche de SNP ou de sélection de SNP dans la base de données est cruciale. SNP peut passer différents protocoles expérimentaux (tels que le séquençage, Polymorphisme co-constructif simple brin (SSCP) ou dénaturation par chromatographie liquide haute performance (Chromatographie liquide haute performance dénaturant DHPLC) ou simulation par ordinateur, alignement et Comparez plusieurs séquences dans la même zone dans une base de données publique Sur l'étiquette d'expression du génome et de la séquence (EST). Puisque les données sont obtenues au hasard, les estimateurs standards des paramètres génétiques de la population ne peuvent pas être appliqués. Un exemple courant est que les SNP qui sont initialement identifiés dans un petit échantillon (panel) d'un individu sont ensuite typés dans un plus grand échantillon de chromosomes. L'échantillonnage SNP est le meilleur Dans le cas des fréquences intermédiaires, une telle concordance affectera la distribution des fréquences alléliques par rapport à la valeur possible d'un échantillon aléatoire (**NIELSEN et SIGNOROVITCH, 2003 ; CLARK et al, 2005**).

j. Technologie des puces à ADN

Une nouvelle méthode pour étudier l'interaction de nombreux gènes entre eux et le contrôle de grands groupes de gènes simultanément par des réseaux cellulaires de régulation. Cette méthode utilise un robot pour appliquer de minuscules gouttelettes très précisément Contient de l'ADN fonctionnel sur des lamelles en verre. Puis les chercheurs se joignent à marqueurs fluorescents sur l'ARNm ou l'ADNc de la cellule d'essai. Nous les laissons Les sondes marquées se lient aux brins d'ADNc sur les lamelles. Les lamelles sont placées dans un microscope à balayage qui peut mesurer la luminosité de chaque point fluorescent ; la clarté révèle la quantité d'ARNm spécifique présente, ce qui indique l'étendue de son activité.

III.4. Programmes de conservation des ressources génétiques animales

Les informations obtenues grâce aux méthodes de caractérisation peuvent faciliter la prise de décision Comprendre les points clés de la gestion des ressources zoogénétiques à travers différentes groupes d'intérêt, y compris les agriculteurs, les gouvernements nationaux et régionaux, et Organisations internationales (**FAO, 1992; FAO / PNUE, 1998**). Ces décisions politiques visent à promouvoir le développement des ressources zoogénétiques, tout

en veillant à ce que ces ressources soient protégées pour les besoins des générations présentes et futures.

Un problème clé dans la gestion des ressources zoogénétiques au niveau national est la capacité de comprendre si la population d'une race particulière est autosuffisante ou menacée à un moment donné. Cette première évaluation (enquête de base) de l'état de la race ou de la population est basée sur des informations sur :

- La taille et la structure de la population ;
- La distribution géographique ;
- La diversité interrassiale ;
- La Relation génétique entre les races lorsque les populations existent dans plus d'un pays. Si la population n'est pas en danger (**Figure 10**), Aucune action immédiate des mesures de protection doit être prises. Cependant, une décision doit être prise, dans le cadre du plan de développement national, ciblez les animaux d'élevage menacés d'extinction. Dans ce cas, la procédure doit être exécutée L'amélioration génétique pour faire face à l'évolution des conditions environnementales, par exemple. Les informations sur les avantages à long terme pour les éleveurs et la société constituent la base de ces programmes de sélection. Si la race est menacée, des stratégies de conservation actives doivent être mises en œuvre sinon, il sera nécessaire d'accepter la perte potentielle de race. Pour allouer des ressources limitées disponibles pour les programmes de conservation, les races prioritaires doivent d'abord être définies. Ces décisions peuvent être fondées sur le caractère distinctif génétique, les traits adaptatifs, 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 de l'approche la plus prometteuse entre les stratégies de conservation in vivo ou in vitro, ou une combinaison des deux. Si les races à préserver existent dans plus d'un pays, les décisions doivent être prises au niveau international. Par conséquent, des institutions / organisations régionales de coordination ainsi qu'un soutien aux politiques nationales sont nécessaires pour faciliter la prise de décision et l'action. Jusqu'à présent, très peu d'exemples d'actions conjointes entreprises par plusieurs pays dans le domaine de la gestion des ressources zoogénétiques ont été reçus.

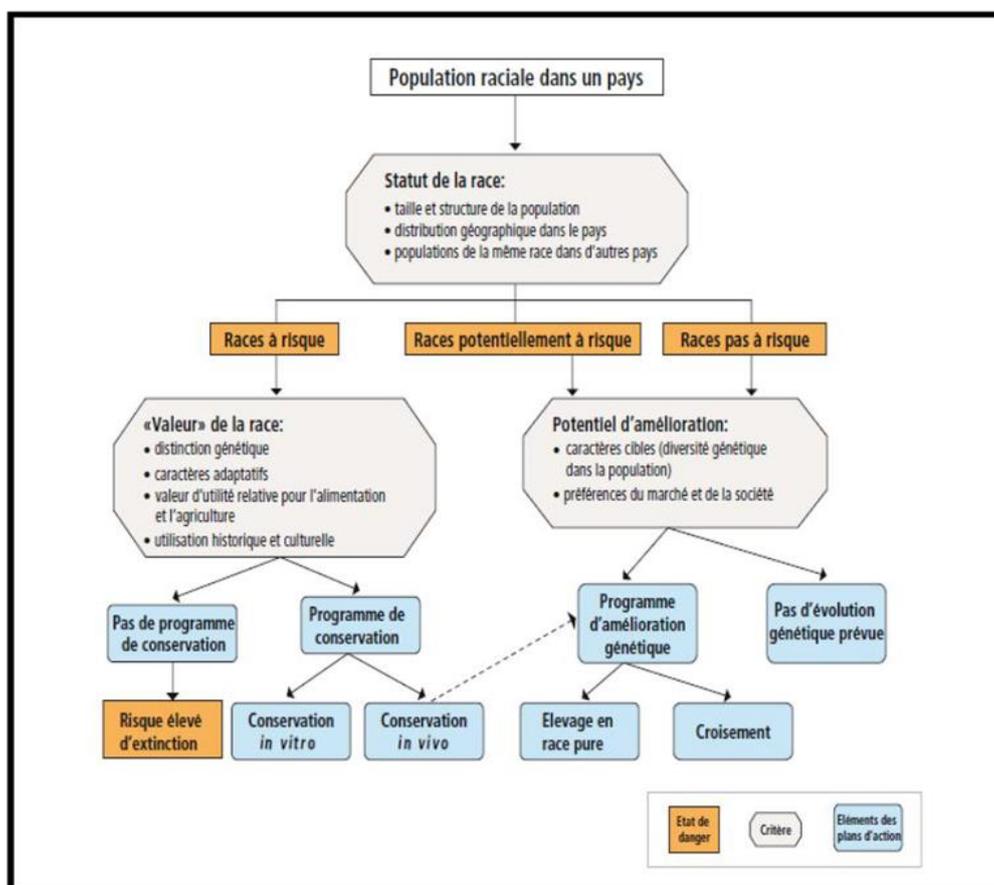


Figure 10. Informations nécessaires pour l'établissement des stratégies de gestion. Tirée de (FAO, 2008).

III.5. Objectif :

De façon spécifique, la thèse vise la caractérisation morphométrique chez 294 ânes par l'étude de 11 caractères quantitatives (Longueur scapulo ischiale (LSI), Hauteur au garrot (HG), Tour de poitrine (TP), Largeur aux hanches (LH), Largeur aux épaules (LE), Périmètre du canon (PC), Longueur de la tête (LoT), Longueur de l'oreille (LoO), Longueur de la queue (LQ), Largeur de la tête (LaT), Tour du museau (TM)) et 7 caractères qualitatives (Couleur de la robe ,Couleur de la tête , Couleur du museau , Couleur des membres , Couleur des crins , Couleur du ventre , Couleur des muqueuses) ensuite , une caractérisation génétique et une étude des relations phylogénétiques chez 65 individus appartient à 8 populations asines algériennes (Naâma, Sidi Bel Abbès, Aïn Témouchent, El Bayadh, Tiaret, Adrar, Tlemcen, Saïda.). Cette analyse de la variabilité génétique est la première dans son genre en Algérie, elle est basée sur l'étude du polymorphisme de l'ADN de ces races par l'utilisation de 17 microsatellites adaptée aux équins avec la technique PCR et génotypage par séquenceur

automatique. L'ensemble des résultats obtenus ont fait l'objet d'une analyse statistique à l'aide de logiciels en prenant en considération différents indicateurs pour l'étude de la variabilité génétique inter- et intra-population. Ainsi, cette thèse a permis pour la première fois d'analyser génétiquement cette espèce en Algérie par des microsattellites.

Populations d'Étude

Et

Méthodes

POPULATION D'ETUDE ET METHODES

I. Zones d'étude

Notre étude a été menée au niveau de 8 wilayas répartissent entre l'ouest et le sud algérien à savoir : Tlemcen, Sidi Bel Abbés, Tiaret, Elbayadh, Saïda, Naâma, Adrar et Aïn Témouchent (Tableau 5).

Tableau 5. Représentation des régions d'étude, leurs localisations et leurs climats spécifiés

	Altitude	Climat	Température annuelle moyenne	Précipitation annuelle moyenne	Localisation
Tlemcen	812m	Chaud et tempéré	16,0 °C	484 mm	Nord-ouest
Saïda	839m	Steppe	16,1 °C	341 mm	Nord-ouest
Tiaret	1008m	Chaud et tempéré	14,7 °C	529 mm	Nord-ouest
Aïn Témouchent	235m	Chaud et tempéré	17,4 °C	485 mm	Nord-ouest
Sidi Bel Abbès	476m	Chaud et tempéré	15,7 °C	442 mm	Nord-ouest
El-Bayadh	1316m	Steppe	14,2 °C	271 mm	Haut plateaux ouest
Naâma	1172m	Désertique	16,2 °C	231 mm	Haut plateaux ouest
Adrar	258m	Désertique	24,3 °C	16 mm de	Sud

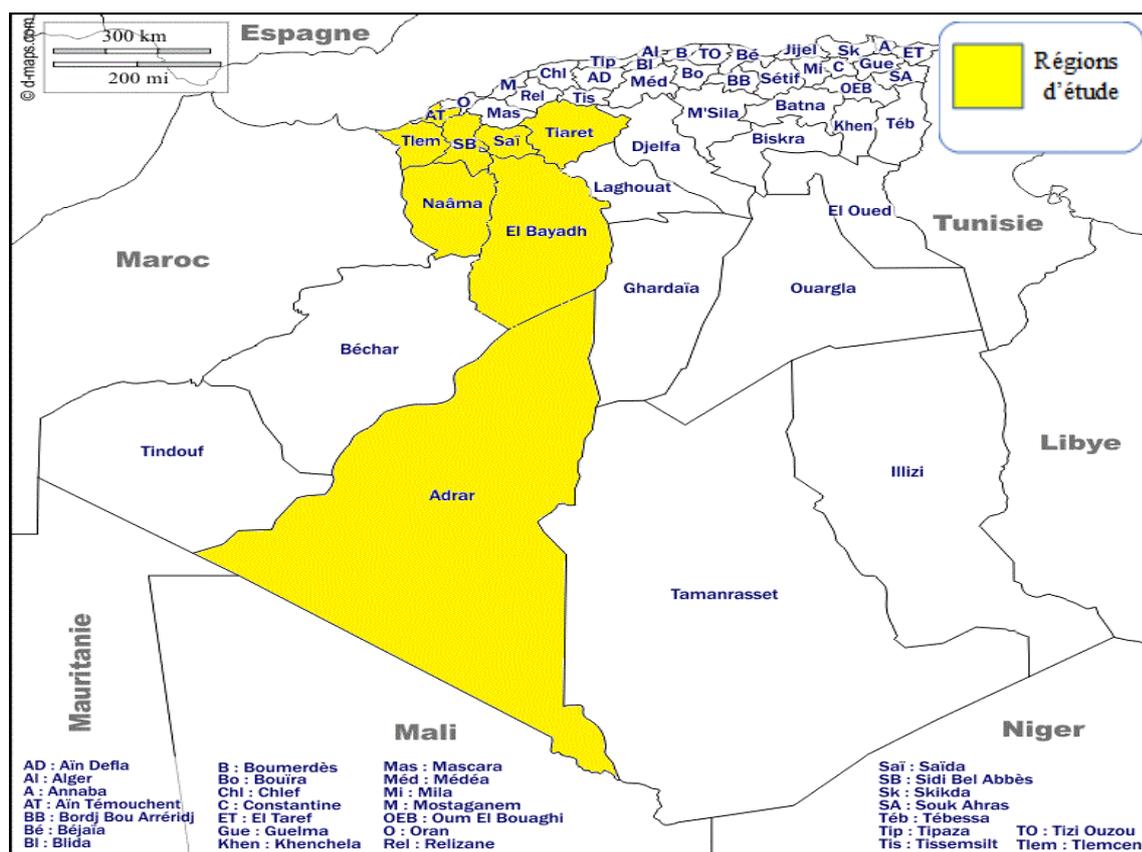


Figure 11. Représentation des régions d'étude par rapport à la carte nationale

II. Choix des animaux

Notre travail s'est basé sur l'étude des traits morphologiques de 294 individus adultes (2 ans et plus) de bonne santé et non apparentés, tous les individus qui avaient un lien familial sont exclus

Des mensurations corporelles et des prélèvements sanguins ont été faites sur des animaux domestique en générale mais il Ya des cas ou ont a échantillonné même des individus domestiques qui ont été libérés dans la nature

Les effectifs regroupés par ordre de sexe, de nombre en fonction de la région considérée sont représentés dans le tableau 6.

Tableau 6. Répartition de la population asine étudiée selon la région et le sexe

Régions	Femelle	Mâle	Totale
Tlemcen	56	99	155
Saïda	19	2	21

POPULATIONS D'ETUDE ET METHODES

Tiaret	6	15	21
Adrar	16	5	21
Naâma	7	9	16
Sidi bel abbés	12	3	15
Aïn Témouchent	7	9	16
El-Bayadh	8	21	29
Total	131	163	294

III. Caractérisation phénotypique

III.1. Variables étudiées

III.1.1. Variables quantitatives

Les différentes mensurations corporelles (Tableau 7) ont été mesurées par le même opérateur durant toute la journée, 11 mesures ont été utilisées pour chaque animal. Ces mensurations réalisées pour la caractérisation phénotypique sont inspirées des travaux sur les équidés à travers le monde (**PEARSON et OUASSAT, 2000 ; NICKS et al, 2006 ; BOUJENANE et al, 2008**).

Tableau 7. Les différents paramètres mesurés

Mesures	Définitions
Longueur scapulo-ischiale (LSI)	La longueur mesurée entre la pointe de l'épaule et la pointe de la croupe
Hauteur au garrot (HG)	Distance entre le sol et le point le plus haut du garrot
Tour de poitrine (TP)	Mesure de la circonférence de la poitrine prise en arrière des membres antérieurs et passants par le passage des sangles
Largeur aux hanches (LH)	Distance horizontale (en centimètres) entre les points extrêmes latéraux de l'ilion (tuber coxae ou pointes de la hanche) du bassin.
Largeur aux épaules (LE)	Distance entre les deux pointes des épaules
Périmètre du canon (PC)	Périmètre de la limite supérieure du 1/3 supérieur de l'os canon antérieur droit
Longueur de la tête	Distance entre la nuque et le bout Du nez

(LoT)	
Longueur des oreilles (LoO)	Distance de la base à la pointe de l'oreille droite tout au long de la surface dorsale
Longueur de la queue (LQ)	Mesure de la base à l'extrémité de la queue
Largeur de la tête (LAT)	Distance maximale entre les deux os zygomatiques
Tour du museau (TM)	Circonférence de museau à sa base à l'endroit le plus large

Suite à l'absence de la bascule, le poids vif des animaux a été pris par le nomogramme en utilisant deux formules selon SVENDSEN, (1997) ; BOUJENANE et MACHMOUM, (2008) ; PEARSON, et OUASSAT, (2000).

$$PV1 = (TP_{(cm)}^{2.575} * HG_{(cm)}^{0.240}) / 3968$$

$$PV2 = TP_{(cm)}^{2.65} / 2188$$

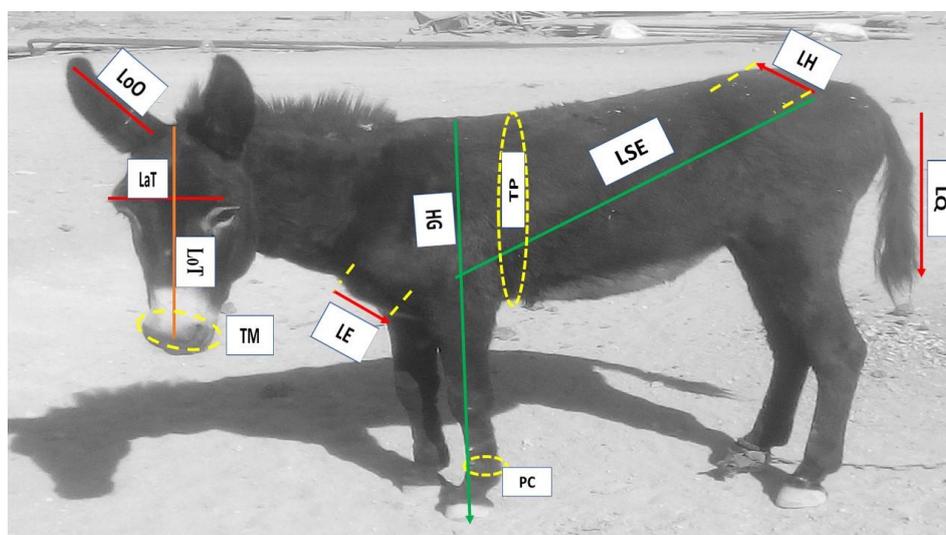


Figure 12. Les différentes mensurations corporelles effectuées (photo originale)

III.1.2. Variables qualitatives

Les caractères qualitatifs étudiés sont présentés dans le tableau 8

Tableau 8. Les caractères qualitatifs qui se répartissent dans la population asine

Couleur de la robe	Couleur de la tête	Couleur du museau	Couleur des membres	Couleur des crins	Couleur des muqueuses	Couleur du ventre
Rousse	Grise	Grise	Grise	Grise	Clares	Grise
Marron	Noire	Blanche	Noire	Noire	Foncées	Marron
Noire	Blanche	Noire	Blanche	Blanche		Blanc
Grise	Marron	Marron	Marron	Marron		Noir
Blanc						

Pour la réalisation des mensurations corporelles, les instruments utilisés sont le mètre à ruban et une toise rigide à double potence. On a utilisé des seringues graduées et des tubes EDTA pour les prélèvements sanguins

III.2. Analyses statistiques des caractères morphométriques

- Les mensurations corporelles ont été analysées selon le logiciel SPSS v 26.
- L'effet du sexe a été comparé par le test de comparaison multiple de Student Newman-Keuls.
- L'effet de la région et de sexe a été comparer par le test d'ANOVA a 1 seul facteur.
- La corrélation entre les paires de mesures est faite en utilisant la corrélation matricielle de Pearson
- Une analyse en composantes principales (ACP) a été réalisée afin de regrouper les individus homogènes qui portent les mêmes caractères étudiés en se basant sur les mensurations corporelles pour différencier les ânes selon ces critères, définir une classification des animaux et construire une typologie qui consiste à identifier des individus assez semblables entre eux.
- Une analyse factorielle des correspondances multiples (ACM) a été utilisée pour les variables qualitatives afin de présenter des caractéristiques qualitatives communes.
- Enfin, pour obtenir le nombre optimal de groupes, une classification hiérarchique ascendante (CHA) a été utilisée. Ces tests ont été traités par le logiciel SPSS (version 26).

IV. Caractérisation génétique

IV.1. Populations d'étude

IV.1.1. Choix des animaux

L'analyse de la diversité génétique des animaux d'élevage à partir de marqueurs moléculaires nécessite évidemment un échantillonnage des populations qui font l'objet de cette recherche. Tout d'abord, il est bien connu que l'exactitude des résultats dépend de la taille de l'échantillon. De plus, par exemple, si nous échantillons des individus de la même famille et donc génétiquement proches les uns des autres, les allèles portés par ce groupe risquent d'être surreprésentés et les résultats peuvent être biaisés.

En général, des échantillons de 20 à 50 individus de chaque population doivent être sélectionnés afin qu'ils soient pertinents. Cependant, le nombre d'individus échantillonnés peut varier d'un cas à l'autre, il peut être plus faible dans les populations locales fortement consanguines, et peut être plus élevé dans les cas où la population est largement répartie (divisée en différents types écologiques) (NEI et ROYCHOUDHURY, 1974; NEI, 1978). Dans l'idéal, l'échantillon devrait être représentatif de la population étudiée, c'est pourquoi la FAO recommande l'utilisation de normes géographiques, dans lesquelles chaque animal est échantillonné dans une zone géographique différente. Animaux ou très peu d'animaux (non apparentés) (Parker *et al*, 2004).

IV.1.2. Echantillonnage des populations d'études

Notre étude génétique a été faite sur 65 échantillons qui ont été amplifiés à partir de 165 échantillons d'ADN. Ces 65 échantillons sont composés de : 6 individus de Naâma, 10 Sidi Bel Abbès, 11 Aïn Témouchent, 2 El Bayadh, 9 Tiaret, 6 Adrar, 14 Tlemcen et 7 Saïda.

IV.2. Méthodes d'analyses génétiques

IV.2.1. Extraction d'ADN et dosage

L'extraction d'ADN génomique à partir de sang total a été réalisée par la technique NaCl « Salting out » (MILLER *et al*, 1988) au niveau du laboratoire de Physiopathologie et Biochimie de la Nutrition (PpBioNut) de l'Université de Tlemcen. Cette méthode est simple, peu coûteuse et très rentable en termes d'extraction d'ADN.

Premièrement, l'échantillon de sang subit une élimination des globules rouges avec une solution de lyse hypotonique, suivie d'un choc thermique avec de la glace. Dans la deuxième étape, l'ADN des lymphocytes est libéré. L'ADN est ensuite traité avec la protéase K, qui le dépouille de toutes les protéines avec lesquelles il est lié. Il est ensuite précipité en ajoutant de l'éthanol froid sous forme de filaments, qui s'assemblent rapidement en une masse blanc cassé appelée méduse. Enfin, l'ADN pur est dissous dans du tampon TE 10/1 (Tris / HCl: 10 mM; EDTA: 1 mM; pH = 8,0) (**Annexe 2**).

L'ADN extrait est d'abord stocké dans des tubes étiquetés en fonction de l'ethnicité et de la région de collecte, puis nous aliquotons tous les échantillons qu'il contient

Nous avons prélevé 50 µl d'échantillon d'ADN de la solution mère (concentré à 100%) pour ensuite tester leur qualité.

IV.2.2. Contrôle de la qualité d'ADN et dilution

Cette étape et toutes les étapes de biologie moléculaire ont été réalisées au niveau du laboratoire d'analyse génétique Vétérinaire de l'Institut Agronomique et Vétérinaire Hassan II, Rabat Maroc. Nous avons effectué un test de qualité de l'ADN en utilisant un appareil fluorimétrique (Qubit 3 metic) (**Figure 13**) et un NanoDrop (Thermo) (**Figure 14**) en utilisant la spectrophotométrie en goutte, ce qui permet de déterminer la concentration d'ADN en solution et d'évaluer sa pureté. 2 µL de solution ont été mesurés par rapport à un contrôle approprié (matrice de solution d'ADN).



Figure 13. Appareil fluorimétrique (Qubit 3 metic).

❖ **Principe :** Le fluorimètre Qubit est un instrument de laboratoire développé utilisé pour la quantification de l'ADN, l'ARN et des protéines et utilisé dans de nombreuses applications différentes.

Le fluoromètre Qubit utilise des colorants fluorescents pour déterminer la concentration soit d'acides nucléiques ou de protéines dans un échantillon. La méthode de l'absorbance UV utilise un spectrophotomètre pour mesurer l'absorbance de la lumière naturelle à 260 nm (pour l'ADN et de l'ARN) ou 280 nm (pour les protéines). Plus l'ADN, l'ARN ou de la protéine dans l'échantillon, plus la lumière est absorbée à cette longueur d'onde. L'absorbance est une propriété naturelle de l'ADN, l'ARN, des nucléotides libres, des protéines et des acides aminés et de nombreux autres composés aussi bien. Parce que tant de molécules absorbent la lumière à 260 nm, cette mesure est soumise à l'inexactitude en raison de la contamination potentielle de l'échantillon avec ces molécules. En outre, en utilisant le procédé d'absorption, il est impossible de faire la distinction entre l'ADN, l'ARN, une protéine ou nucléotides libres ou des acides aminés dans l'échantillon, ce qui conduit à des mesures potentiellement très imprécises.

❖ **Les colorants fluorescents** : Les tests Qubit (précédemment connu sous le nom-iT) Quant ont été développés et fabriqués par les précédentes sondes moléculaires (maintenant une partie de Life Technologies). Chaque colorant est spécifique pour un type de molécule (ADN, ARN ou protéine). Ils ont une fluorescence extrêmement faible jusqu'à ce lié à leur molécule cible. La différence de fluorescence entre colorant lié et non lié est de plusieurs ordres de grandeur. Lors de la liaison à l'ADN, probablement par intercalation entre les bases, il prend une forme plus rigide et devient intensément fluorescent. Une fois ajouté à une solution d'ADN, le colorant ADN Qubit se lie à l'ADN en quelques secondes et atteint l'équilibre en moins de deux minutes.

Lors d'une quantité spécifique du colorant, la quantité de signal de fluorescence à partir de ce mélange, est directement proportionnelle à la concentration d'ADN dans la solution, même en présence d'autres biomolécules. Le fluoromètre Qubit capte ce signal de fluorescence et la convertit en une mesure de la concentration d'ADN en se référant à des sondes d'ADN de concentration connue. Il utilise ensuite cette relation pour calculer la concentration d'un échantillon.

Tableau 9. Le système de dosage de Qubit

Réactif / dosage	Plage de dosage	Plage de concentration de départ de l'échantillon
HS qubit ADNdb dosage	0,2 à 100 ng	10 pg / pl-100 ng / pl
Qubit BR ADNdb dosage	2-1,000 ng	100 pg / pl-1 pg / pl
Qubit ADNss dosage	1-200 ng	50 pg / pl-200 ng / pl
Qubit ARN Assay	5-100 ng	250 pg / pl-100 ng / pl
Qubit ARN BR Assay	20-1,000 ng	1 ng / µ-1 pg / pl
Qubit dosage de protéines *	0,25-5 pg	12,5 ug / ml-5 mg / ml

Le système de dosage de Qubit comprend les colorants suivants qui sont spécifiques pour différentes molécules biologiques et les concentrations (ds supports pour double brin, ss pour l'ADN simple brin).

Le NanoDrop peut être utilisé, entre autres, pour mesurer l'absorbance d'une solution à 260 et 280 nm. L'ADN a la propriété d'absorber à 260 nm du fait de la présence d'un cycle

dans ses bases azotées. L'absorption des protéines à 280 nm est due à la présence de résidus aromatiques.



Figure 14. NanoDrop2000c Thermo Scientific

Pour l'ADN double brin, l'unité d'absorbance à 260 nm correspond à 50 $\mu\text{g} / \text{ml}$. De plus, le rapport A_{260} / A_{280} donne une valeur permettant de vérifier la pureté de la solution d'ADN. Si le rapport est compris entre 1,7 et 2,0, la solution est considérée comme une solution pure, supérieure à 2,0 est contaminée par de l'ARN et / ou du sel, et moins de 1,7 est contaminée par des protéines.

Le NanoDrop est le dispositif de dernière génération qui permet un dosage précis de la solution à partir de 2 μl en fonction de la source de photons générés par le flash au xénon. Le principe est le même qu'avec un spectrophotomètre conventionnel, sauf pour le volume d'échantillon ici, qui est de 2 μl . La lampe au xénon agit comme une source lumineuse, elle est filtrée par un filtre monochromateur, le faisceau lumineux traverse l'échantillon puis est détecté par un détecteur CCD. Les données sont traitées automatiquement avec un logiciel qui obtient directement la concentration d'ADN double brin en $\text{ng} / \mu\text{l}$ ainsi que le rapport A_{260} / A_{280} .

Afin d'effectuer différentes amplifications par PCR, les échantillons d'ADN présentant des concentrations élevées doivent être ajustés par dilution. En fait, ces échantillons finaux sont Conservez à -20°C pour une analyse ultérieure.

IV.2.3. Génotypage des marqueurs microsatellites par séquenceur automatique

Cette étape implique principalement l'amplification de microsatellites par une technique de PCR qui génère des fragments de longueur variable d'un allèle à l'autre. En marquant l'une des amorces avec un fluorochrome, nous pouvons déterminer la longueur exacte de chaque allèle microsatellite examiné par électrophorèse capillaire. Étant donné que le dispositif utilisé peut détecter cinq fluorochromes différents et que le même fluorochrome peut être utilisé pour plusieurs microsatellites différents (lorsque la taille maximale des fragments d'étiquette diffère de plus de 100 nucléotides de la taille minimale du microsatellite suivant dans l'ordre de grandeur de l'allèle), nous pouvons réaliser des multiplexes dans lesquels plusieurs marqueurs dans le même tube peuvent être renforcés.

IV.3. Principes des techniques

IV.2.1. Amplification des marqueurs microsatellites

IV.2.1.1. Principe de la PCR classique

La PCR est une technique de biologie moléculaire développée par Mullis en 1985. En raison de son activité polymérase, la Taq polymérase amplifie des fragments d'ADN double brin *in vitro* extrait de la bactérie thermophile "Thermus aquaticus" par un processus d'extension de deux amorces (sens et anti sens) de 20 à 25 nucléotides, qui sont complémentaires des 3' extrémités des deux brins d'ADN et entourent spécifiquement la séquence à amplifier. La PCR est basée sur un processus de cycle en trois phases (**Figure 15**) :

➤ *Dénaturation de l'ADN double brin :*

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

➤ *Hybridation des amorces :*

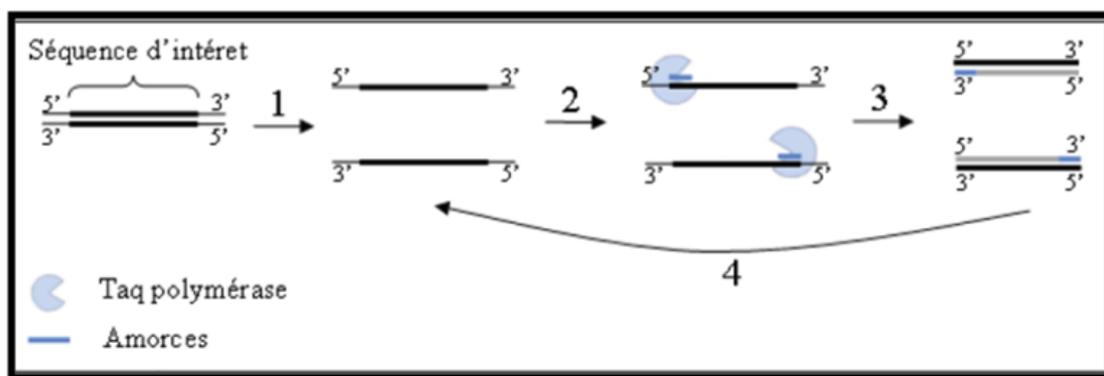
L'amorce s'hybride à n'importe quel ADN avec des séquences complémentaires. La température de cette étape est spécifique à chaque protocole de PCR car elle dépend de la

longueur de l'amorce et de sa composition en oligonucléotide. Généralement, cette température est comprise entre 45 ° C et 65 ° C.

➤ **Élongation des amorces :**

Cette étape se déroule généralement à la température optimale pour l'ADN polymérase (72 ° C) et sa durée dépend principalement de la longueur de l'amplimère. La polymérase contient, à l'extrémité 3' de l'amorce appariée à la cible, des dNTP de « désoxynucléotides triphosphates » complémentaires de la séquence matrice avec laquelle elle est hybridée. De cette manière, chaque amorce est allongée dans la direction 5' à 3'. Il en résulte deux ADN bicaténaire.

Dans le cycle suivant, le brin nouvellement synthétisé lui-même sera utilisé comme matrice pour initier l'étape de polymérisation de l'ADN polymérase. La répétition du cycle triphasé permet une amplification exponentielle de la séquence du génome cible, c'est-à-dire que l'amplification théorique est égale à 2^n fois, où n représente le nombre de cycles d'amplification effectués. Cependant, le rendement réel de la réaction d'amplification d'ADN est d'environ 70%.



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

Figure 15. Schéma du principe de la PCR

La PCR multiplexe implique l'amplification simultanée de plusieurs séquences cibles (au moins deux) dans le même tube d'amplification. Par conséquent, la réaction d'amplification comprendra des paires d'amorces flanquant plusieurs locus génétiques à amplifier. Étant donné que la concentration optimale du réactif, le temps de réaction et la température sont spécifiques à chaque paire d'amorces, veuillez prévoir ces différents

paramètres pour obtenir des résultats satisfaisants. L'analyse par PCR multiplex nécessite également que différents fragments amplifiés aient des tailles différentes afin de pouvoir déterminer à partir de quel locus génétique ils proviennent. Vous pouvez également utiliser les amorces marquées. Les colorants fluorescents émettent de la lumière de différentes longueurs d'onde pour chaque site d'amplification. Cela permet de distinguer les allèles avec différents marqueurs qui ont plusieurs loci génétiques qui se chevauchent par rapport à la longueur du fragment (**Figure 16**). Cette méthode d'amplification réduit le temps d'analyse ainsi que le coût et la quantité de matériel génétique utilisé.

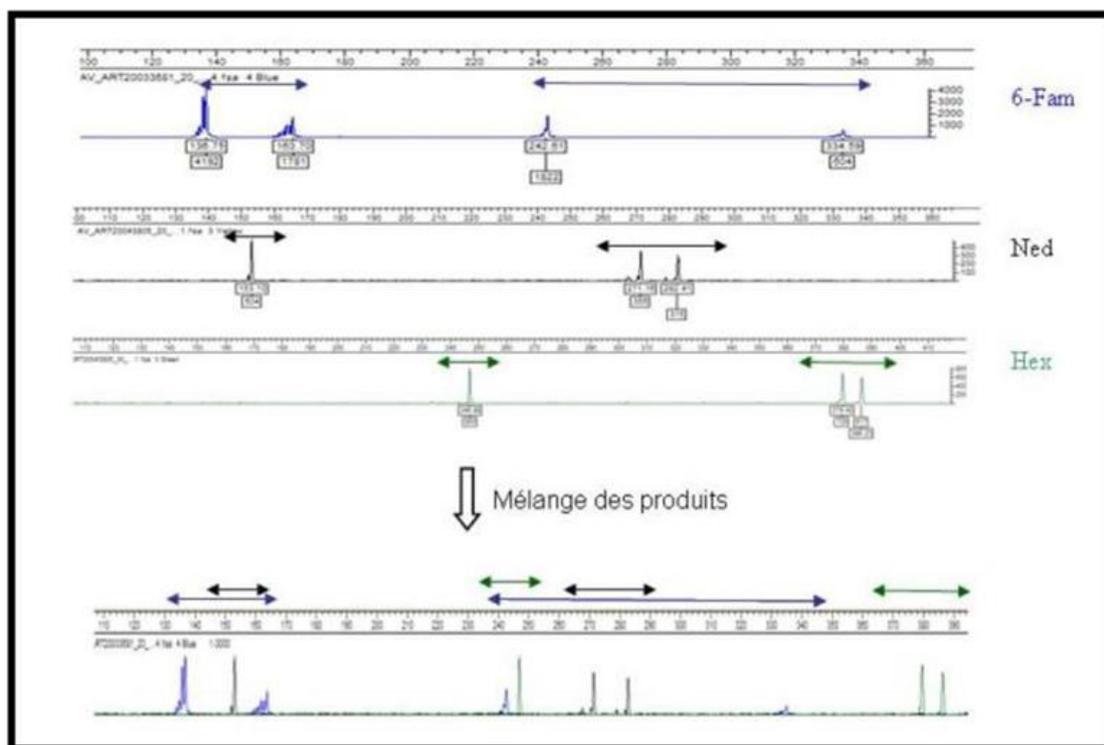


Figure 16. Exemple d'un résultat d'une PCR multiplex (NIKOLIC, 2009).

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

IV.2.1.2. Électrophorèse capillaire

Les fragments de PCR marqués par fluorescence ont été séparés par électrophorèse capillaire dans le système d'analyse génétique du séquenceur HTDS 3500 (Applied Biosystems /Hitachi) (**figure 17**).



Figure 17. Le séquenceur automatique HTDS 3500 (Applied Biosystems /Hitachi).

IV.3. Protocole expérimental

IV.3.1. Choix des marqueurs et préparation des amorces

Un panel de 17 marqueurs microsatellites a été sélectionné, tous ces marqueurs font partie du panel microsatellites, dont la plupart sont sur la liste de la FAO pour l'étude de la structure génétique des populations équines à l'échelle mondiale. Ces marqueurs ont les caractéristiques suivantes :

- ❖ Ils sont très nombreux (de 50 à 100 000 selon les espèces) et ont une répartition homogène dans le génome (**ROGNON et VERRIER, 2007**).

- ❖ Ils sont co-dominants et très polymorphes (ou informatifs). Un marqueur est considéré comme informatif s'il peut faire la distinction entre deux descendants en fonction des allèles reçus de l'un des deux parents (**BOICHARD et al, 1998**).
- ❖ A priori, ces marqueurs sont neutres par rapport au processus de sélection. Ils sont le plus souvent localisés dans des régions non fonctionnelles du génome (non associées à des gènes fonctionnels sélectionnables).
- ❖ Outre ses caractéristiques génétiques, les microsatellites présentent un intérêt technique considérable. En fait, le génotypage de ces marqueurs est relativement simple et rapide, et surtout peu coûteux. Par conséquent, lorsque vous utilisez des fluorophores de couleurs différentes pour marquer les amorces (PCR multiplex), vous pouvez économiser de l'argent et augmenter le nombre d'individus à analyser et le nombre de marqueurs à étudier en même temps.

Un jeu de 17 marqueurs microsatellites a été choisi pour le génotypage des populations asines algériennes. L'ensemble de ces marqueurs font partie de la liste recommandée par le Groupe Consultatif ISAG-FAO pour l'identification et le contrôle de filiation des populations équines à l'échelle mondiale. Dans notre étude, les 17 microsatellites sont répartis en un seul kit : Le kit de génotypage de chevaux 17-Plex StockMarks (**PE Applied Biosystems. Foster City. California. USA**) peuvent être effectuées en un seul cycle de PCR Amplifiez et effectuez le génotypage en une seule fois sur un instrument de débit. Le kit comprend 17 marqueurs microsatellites (AHT4, AHT5, ASB17, ASB2, ASB23, CA425, HMS1, HMS2, HMS3, HMS6, HMS7, HTG10, HTG4, HTG6, HTG7, Lex3, VHL20). Ceci a été accompli en utilisant un nouvel ensemble de cinq colorants fluorescents développés par Applied Biosystems (DS-31), avec quatre des colorants utilisés pour marquer les amorces d'amplification directe (6-FAM, VIC, NED et PET) dans chaque ensemble d'amorces. Les amorces marquées avec le fluorophore 6-FAM émettent dans le bleu, et celles marquées par le fluorophore VIC émettent dans le vert. Les amorces ayant le marquage NED (émettent dans le jaune) et PET (émettent dans le rouge). Les caractéristiques de ces marqueurs sont présentées dans le **tableau 10**.

Le nouveau kit équin contenait cinq locus supplémentaires (ASB17, LEX3, HMS1, CA425 et ASB23) en plus des 12 locus d'origine (VHL20, HTG4, AHT4, HMS7, HTG6, HMS6, HTG7, HMS3, AHT5, ASB2, HTG10, et HMS2) recommandé par l'International Society for Animal Genetics. Le kit fonctionne bien sur différentes plates-

POPULATIONS D'ETUDE ET METHODES

formes d'instruments (instruments ABI PRISM 377, 310 et 3100) et dans une large gamme de concentrations de matrice d'ADN (1 à 10 ng). Combiner ces 17 locus et les amplifier en un seul cycle de réaction en chaîne par polymérase (PCR), ce qui améliore considérablement les capacités de test statistique de l'analyse généalogique, tout en réduisant le temps et les efforts nécessaires pour effectuer ces opérations tester. Un standard de taille dans la voie marquée avec le cinquième colorant (LIZ) fournit une détermination précise de la taille pour le génotypage. Le nouveau kit 17-Plex Horse est conçu pour améliorer l'efficacité du laboratoire en génotypant plus de marqueurs en un temps plus court.

Tableau 10. Noms des locus, emplacement des chromosomes, étiquette du colorant, et la gamme de tailles des produits amplifiés pour tous marqueurs utilisés dans le kit de génotypage 17-Plex Horse.

(Applied Biosystems, Foster City, Calif, USA)

Microsatellites	Localisation chromosomique	Marquage	Taille des allèles (pb)
VHL20	30	6-FAM	83-102
HTG4	9	6-FAM	116-137
AHT4	24	6-FAM	140-166
HMS7	1	6-FAM	167-186
HTG6	15	VIC	74-103
AHT5	8	VIC	126-147
HMS6	4	VIC	154-170
ASB23	3	VIC	176-212
ASB2	15	VIC	237-268
HTG10	21	NED	83-105
HTG7	4	NED	114-126
HMS3	9	NED	146-170
HMS2	10	NED	215-236
ASB17	2	PET	104-116
LEX3	X	PET	137-160
HMS1	15	PET	166-178
CA425	28	PET	224-247

IV.3.2. Amplification *in vitro* de l'ADN par PCR

La PCR a été réalisée en amplifiant 17 microsatellites couramment utilisés pour identifier et contrôler les chevaux. L'amplification de l'ADN a été réalisée à l'aide du kit de typage équin StockMarks (PE Applied Biosystems, Foster City, CA, USA), qui comprend des amorces marquées aux fluorophores, le kit contiendra des dNTP, AmpliTaq Gold® Polymerase (Applied Biosystems) et le tampon Stockmarks®. Les concentrations des différents composants sont optimisées par le fabricant afin de donner de bons résultats pour des fragments allant jusqu'à 1 Kb. Un seul cycle PCR est nécessaire pour le génotypage des équins. Montants de chacun des composants pour un cycle de PCR sont présentés dans le **tableau 11**.

La concentration finale pour chaque réactif utilisé pour la PCR est le tampon stock = 1,25 µL, D ntp = 2 µL, Taq = 0,25 µL, H₂O = 1,5 µL et 1,5 µL d'ADN, le volume final de PCR mixte étant de 8,5 µL. La PCR a été réalisée dans Applied Biosystems Thermal Cycler (système GeneAmp PCR 2700). L'ADN a d'abord été dénaturé à 95 ° C pendant 15 minutes avant de subir 30 cycles d'amplification. Chaque cycle comprenait une étape de dénaturation à 95 ° C pendant 30 secondes, une étape d'hybridation à 60 ° C pendant 1 minute et une étape d'élongation de 46 secondes à 72 ° C. Après les 30 cycles d'amplification, une extension finale dure 60 minutes à 72 ° C pour optimiser l'action de la Taq polymérase.

Tableau 11. Composants de réaction en chaîne par polymérase (PCR) et la quantité de réaction standard.

Composant PCR	Montant (µL)
Stockmarks Buffer	2.5
dNTP mix	4.0
Amplification primer mix	4.0
AmpliTaq Gold Polymerase	0.5
DNA Template	1.0
Eau déminéralisée	3.0

IV.3.3. Dépôt sur le séquenceur

Pour chaque échantillon, on prend 40 µl de standard liz 500 et 1 µl de formamide, le tout est mélangé avec 1,8 µl d'ADN (produit de PCR) pour arriver à un volume final de 42,8 µl.

Les plaques ont été ensuite dénaturées à 95°C pendant 2 min, avant d'être placées dans le séquenceur sur un ABI PRISM 3500 (Applied Biosystems) et les données ont été analysées en utilisant le logiciel GENEMAPER 5 (PE Applied Biosystems. Foster City. Californie, USA).

IV.3.4 Génotypage des microsatellites

Lors de la migration du produit de PCR dans le capillaire de séquençage, le fluorophore est excité par le laser, et l'émission de fluorescence est expliquée par le programme Genemapper 5 (PE Applied Biosystems. Foster City. Californie, USA). Ce dernier permet de déterminer le génotype de chaque échantillon de chacun des 14 microsatellites étudiés. La norme de taille ROX 500 vous permet d'attribuer des tailles à différents pics d'intensité. Seules les cartes d'une intensité supérieure à 300 nm sont conservées pour le génotypage.

IV.4. Méthodes d'analyses statistiques

IV.4.1. Logiciels utilisés

L'étude de la diversité génétique au niveau des espèces animales nécessite l'utilisation de méthodes statistiques spéciales exécutées par des programmes informatiques hautement spécialisés. En effet, avec le développement de la science bioinformatique et de la génétique des populations, certains logiciels statistiques ont été mis en service pour effectuer une analyse approfondie des données fournies par les marqueurs moléculaires (tels que les microsatellites et les SNP). Dans cette étude, nous avons utilisé 12 logiciels. Les tests réalisés par chaque logiciel sont mentionnés dans le **tableau 12**.

Tableau 12. Logiciels utilisés dans cette étude

Type de logiciel	Site web	Caractéristiques	Références
GenAIEx 6.5	http://biology-assets.anu.edu.au/GenAIEx/Welcome.html	Calcule la diversité et la divergence génétiques. Test d'équilibre d'Hardy-Weinberg et les déséquilibres de liaison.	(PEAKALL et SMOUSE ,2006 ; 2012)
Popgene 1.32	https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html	Analyse de la variation génétique entre et à l'intérieur des populations naturelles en utilisant des marqueurs codominants et dominants et des traits quantitatifs	(YEH et al, 1997)
Cervus 3.0.3	http://www.fieldgenetics.com/pages/home.jsp	Analyse de la fréquence de l'allèle : Les tests de parenté utilisant la vraisemblance nécessitent des fréquences alléliques. Simulation et analyse des parents	(MARSHALL, 2006 ; KALINOWSKI et al, 2007)
MEGA 6	http://www.megasoftware.net/	MEGA est un outil intégré pour effectuer l'alignement automatique et manuel des séquences et inférer des arbres phylogénétiques.	(TAMURA et al, 2013)
Dendroscope 3	http://dendroscope.org/	Est conçu pour visualiser des arbres phylogénétiques de toutes tailles Et peut être utilisé pour une variété d'analyse des ensembles de données moléculaires	(HUSON et SCORNAVACCA,2012)
Fstat 2.9.3	http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm	Programme complet sur les indices en génétique des populations pour évaluer la diversité et la divergence génétiques. (Wright's F-statistics (FIT, FIS, FST))	(GOUDET, 2001)
Arlequin 3.5.2.2	http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35/Arlequin35.html	Les analyses des données intra-population (informations statistiques sont extraites indépendamment de chaque population) et inter-population (les échantillons sont comparés les uns aux autres).	(EXCOFFIER et LISCHER, 2010)
Genetix 4.05	http://www.univmontp2.fr/genetix/genetix/	Programme complet sur les indices en génétique des populations pour évaluer la diversité et la divergence génétiques (Analyse Factorielle de Correspondance AFC)	(BELKHIR et al, 2000)

POPULATIONS D'ETUDE ET METHODES

FreeNA	http://www1.montpellier.inra.fr/CBGP/software/FreeNA/	Détecte les allèles nuls au sein de marqueurs Microsatellites	(CHAPUIS et ESTOUP, 2007)
Structure 2.3.4	http://pritch.bsd.uchicago.edu/software/structure2_1.html	Identifie des groupes et assigne les individus aux groupes les plus probables	(PRITCHARD et al, 2000 ; FALUSH et al, 2007 ; HUBISZ et al, 2009)
Structure Harvester 0.6.94	http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/	Le programme fournit un moyen rapide d'évaluer et de visualiser les valeurs de vraisemblance à travers de multiples valeurs de K et des centaines d'itérations pour faciliter la détection du nombre de groupes génétiques qui correspondent le mieux aux données.	(EARL and VONHOLDT, 2012)

IV.4.2. Principes des analyses faites en génétique des populations

L'analyse de la variabilité des populations animales est basée sur deux niveaux de variabilité : la variabilité intra-population et d'autres variabilités inter-populations. Ces deux niveaux complémentaires. L'analyse des données de génotypage des marqueurs microsatellites nécessite une méthode statistique spéciale. Le but de cette méthode est de caractériser et de rechercher la structure et la proximité génétique des 8 populations équines algérienne.

D'une part, la première analyse statistique nous a permis de comprendre l'écart de la population étudiée par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW), ainsi que la structure de la population et la variabilité génétique. D'autre part, en attribuant des individus à un ou plusieurs groupes « cluster », en calculant la « distance génétique » avec l'arbre phylogénétique correspondant, en analysant multidimensionnel (AFC) et en appliquant des algorithmes basés sur la méthode bayésienne de clustering.

IV.4.2.1 Équilibre de Hardy Weinberg

L'équilibre Hardy-Weinberg est un principe fondamental de la génétique des populations car c'est un bon descripteur de la structure génétique des populations naturelles. Ainsi, idéalement là où il existe une panmixie pour une population de taille infinie et qui ne subit aucune pression évolutive (dérive, migration, sélection, mutation), les fréquences des

gènes et des génotypes ne diffèrent pas d'une génération à l'autre. C'est un équilibre pour la population.

Dans le cadre de cette étude, la caractérisation génétique de la population asine algérienne échantillonnée dans 8 wilayas d'étude et la recherche de leur proximité génétique possible, à partir des différents paramètres calculés pour les 17 microsatellites étudiés. Ces paramètres sont :

IV.4.2.2 Test de conformité à l'équilibre de Hardy-Weinberg

L'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW) a été prouvé au début du 20^{ème} siècle par le mathématicien anglais GH Hardy et le médecin allemand W. Weinberg et déclare que « les fréquences des allèles restent stables de génération en génération. Dans une population diploïde idéale et ne dépendent que de la fréquence de la première génération ».

Dans le cas le plus simple, avec un locus à deux allèles (A) et (a) avec la fréquence des allèles (p) et (q), la loi EHW prédit que la fréquence génotypique pour un homozygote AA est p^2 , hétérozygote (Aa) est $2pq$, et homozygote pour (aa) est q^2 . Le concept d'équilibre dans ce modèle est soumis aux conditions suivantes :

- La population est panmictique ;
- La population est de grande taille ;
- Il ne doit y avoir aucune sélection, mutation ou migration ; et
- Les générations ne se chevauchent pas, c'est-à-dire qu'il n'y a pas de croisement d'individus appartenant à différentes générations.

Les perturbations de l'EHW indiquent une divergence génétique dans les populations. Cela dépend de quatre forces évolutives : la sélection, la mutation, la dérive génétique et le flux génétique, décrites dans le premier chapitre. Une conséquence de ces forces évolutives est la variation de la fréquence des allèles et de l'indice hétérozygote dans la population par rapport à l'EHW.

Des écarts par rapport à la panmixie peuvent donc résulter de la voie non panmictique de l'association du bétail (homogamie, hétérogamie, union entre apparentés, sélection reproductrice), de la fragmentation de la population en sous-populations, c'est-à-dire de l'effet

Wahlund, et même d'introductions récentes et / ou de croisements entre différentes populations (hétérozygotie excessive).

Ces données peuvent être très utiles pour comprendre l'histoire de la population. Il faut également noter que l'échantillonnage crée parfois des biais en surreprésentant certaines structures familiales. En revanche, la présence d'allèles nuls ainsi que la lecture d'artefacts ne sous-estiment l'hétérozygotie observée. Pour tester l'équilibre de Hardy-Weinberg, nous définissons l'hypothèse nulle H_0 (H_0 : la population est en équilibre de Hardy-Weinberg).

Nous calculons ensuite l'indice de fixation intra-population (FIS) de Wright, qui correspondrait à la perte actuelle d'hétérozygotie due à la consanguinité. Les résultats sont interprétés par rapport à un seuil prédéterminé (5%). Si la valeur P est inférieure à 0,05, l'hypothèse H_0 est rejetée, c'est-à-dire que la valeur FIS dans la population étudiée s'écarte significativement de l'équilibre de Hardy-Weinberg (déficit d'hétérozygotie si les valeurs FIS sont positives, et excès d'hétérozygotie si les valeurs FIS sont négatives). En revanche, si la valeur P est supérieure à 0,05, H_0 est prise, la valeur FIS n'est pas significativement différente de 0, et donc la population étudiée est dans l'équilibre Hardy-Weinberg.

IV.4.2.3 Fiabilité des loci microsatellites

a. Détection des allèles nuls

La problématique du génotypage pose de réels problèmes en termes de fiabilité des données. Pour déterminer si certains loci doivent être éliminés de l'analyse, le logiciel FreeNA (CHAPUIS et ESTOUP, 2007) a été utilisé pour estimer la fréquence des allèles nuls (l'erreur la plus courante) pour chaque locus et échantillon. Souvent rencontré).

b. Taux de polymorphisme (PIC)

Le taux de polymorphisme ou PIC "contenu d'information polymorphe" fournit des informations sur le polymorphisme marqué. Si les deux ensembles de descendants peuvent être distingués sur la base des allèles obtenus du parent, le marqueur est considéré comme informatif (BOICHARD et al, 1998). La valeur de PIC est dérivée de la somme de la probabilité que le marqueur fournisse des informations en fonction de la configuration génotypique du parent, et varie de 0 (monomorphe) à 1 (hautement différencié) (LEROY, 2008). Étant donné un locus avec n allèles, la fréquence de l'allèle i dans la population est p_i , le PIC de ce locus est calculé comme suit:

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

c. Déséquilibre d'association

Ce paramètre permet de comprendre le comportement social qui contrôle l'hybridation des populations sauvages et la manière dont la reproduction se fait au niveau du bétail. Cela nous permet également de comprendre s'il existe des associations préférentielles entre les allèles de différents loci dans un environnement donné, ce qui peut nous informer sur les domaines possibles de la technologie animale. De plus, dans le cas d'écarts par rapport à l'EHW, cette analyse peut également apporter des réponses. Les paramètres ont été analysés à l'aide du logiciel Genepop (**RAYMOND et ROUSSET, 1995**). En utilisant la méthode de la chaîne de Markov pour comparer la valeur de α avec la valeur sans biais de P, la cohérence entre les données attendues et les données observées est vérifiée (**GUO et THOMPSON, 1992**).

IV.4.2.4 Analyse de la diversité intra-population

Dans un premier temps, l'étude s'est concentrée sur l'analyse de la variabilité génétique dans la population étudiée. Analyser les génotypes obtenus à partir des microsatellites étudiés pour estimer les critères suivants :

a. Richesse allélique

Il représente le nombre total d'allèles à un locus donné. Cependant, si le nombre d'individus typés est petit et que les marqueurs sont hautement polymorphes, l'allèle peut être sous-estimé, de sorte que les allèles rares ont peu de chance d'être échantillonnés (**ROGNON et VERRIER, 2007**).

b. Fréquences alléliques

La fréquence allélique est la valeur principale qui sert de base à l'analyse statistique de la variation génétique d'une population, c'est-à-dire le pourcentage de toutes les données du même type d'allèle à un locus particulier de cette population (**HARTL, 1988**). Les fréquences des allèles ont été calculées pour chacune des populations testées et tabulées à l'aide du logiciel **GenAlEx 6.5** (**PEAKALL et SMOUSE 2006, 2012**).

Par conséquent, la fréquence de l'allèle échantillon est égale à deux fois le nombre de génotypes homozygotes pour cet allèle (car chaque homozygote porte deux copies de l'allèle) plus le nombre de génotypes hétérozygotes contenant cet allèle (Parce que chaque hétérozygote en porte un). Le nombre de copies) divisé par deux fois le nombre total d'individus de l'échantillon (car chaque individu porte deux allèles à ce locus) (**HARTL, 1988**).

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

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

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

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

c. Taux d'hétérozygotie

Le pourcentage d'hétérozygotie à un ou plusieurs loci est généralement utilisé pour évaluer la variabilité génétique dans une population. La méthode la plus simple consiste à compter le nombre d'individus qui sont réellement hétérozygotes.

➤ Taux d'hétérozygotie observé (H_o)

Le taux d'hétérozygote observé (H_o) est calculé à partir du rapport du nombre d'animaux hétérozygotes au nombre total d'animaux typés pour le locus considéré.

➤ Taux d'hétérozygotie attendue H_e

Sous l'hypothèse d'équilibre de Hardy-Weinberg, la formule suivante est utilisée pour calculer l'hétérozygotie théorique (H_e) en fonction de la fréquence allélique déterminée à chaque locus :

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

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

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

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

Permet la correction en fonction de l'échantillonnage. **NEI, (1978)** propose d'utiliser l'estimateur (H_{nb}) ou diversité génétique sans biais lorsque le nombre d'animaux testés est faible, il est calculé à l'aide de la formule suivante :

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

Où

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

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

d. Nombre efficace d'allèles

Le nombre efficace d'allèles (A_e) est défini comme l'inverse de la probabilité que deux marqueurs choisis au hasard aient le même allèle (**ROGNON et VERRIER, 2007**). Dans un locus donné, contenant plusieurs allèles indexés i et de fréquences appropriées $p_i \square \square i p_i \square \square 1$, ce paramètre est exprimé comme suit (**CROW et KIMURA, 1970**):

$$Ae = 1 / \sum_i p_i^2 = 1 / (1 - H) \quad \text{Et} \quad H = 1 - \sum_i p_i^2$$

Le nombre efficace d'allèles est un critère de variabilité au sein de la population, qui peut compléter l'analyse des fréquences alléliques. En fait, lorsque les fréquences alléliques sont toutes égales, elle est égale au nombre total d'allèles d'une population donnée, et plus la fréquence est déséquilibrée, plus elle est basse. Les allèles les plus fréquents sont ceux qui ont le poids le plus élevé dans la valeur calculée. Ce paramètre est calculé en fonction de la fréquence allélique des microsatellites étudiés à l'aide du logiciel GenAlEx 6.5 (**PEAKALL et SMOUSE 2006, 2012**).

IV.4.2.5. Analyse de la diversité inter-populations

La variabilité génétique entre les populations est généralement exprimée en fonction de la distance génétique entre populations. Celles-ci peuvent être transformées en mesures globales de diversité, en phylogénie ou classification (**OLLIVIER et al, 2000**).

a. Analyse de différenciation des populations

❖ Nei statistiques (1973)

La variabilité entre les populations peut être comprise en mesurant le coefficient de différenciation génétique (GST) de **Nei (1973)**, qui fait partie de l'analyse de décomposition hiérarchique de la diversité génétique. La diversité génétique totale (HT) de cette espèce peut être décomposée en diversité intra-population (HS) et diversité inter-population (DST). Les indices HT et Hs sont calculés sous l'hypothèse d'équilibre de Hardy-Weinberg et ne dépendent que de la fréquence allélique observée par la formule suivante :

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

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

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

$$Gst = (H_T - H_s)/H_T$$

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

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

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

$$H_s = \frac{\sum_X^k H_{eh}}{X}$$

❖ F statistiques de Wright

Dans la population subdivisée, la complexité est divisée en trois niveaux : individu (I), sous-groupe (S) et population totale (T). Dans ce travail, la population liée à la région représente la sous-population, tandis que l'ensemble de la population représente la population globale. Afin de mesurer l'organisation de la diversité génétique dans la population, **WRIGHT, (1978)** a défini les trois niveaux d'hétérozygotie à travers les paramètres suivants : H_I , H_s et H_T .

Il représente également l'hétérozygotie moyenne observée pour tous les gènes (ou locus) d'un individu. C'est aussi la probabilité d'hétérozygotie à un locus choisi au hasard. Donc, si H_i est l'hétérozygotie observée dans la i -ème sous-population, alors pour la sous-population X , nous obtenons la formule:

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

Le second paramètre H_s indique l'hétérozygotie attendue par individu pour chaque sous-population en la supposant à l'équilibre Hardy Weinberg. Il représente aussi

l'hétérozygotie attendue dans une sous-population supposée à l'équilibre Hardy-Weinberg où p_i est la fréquence du $i^{\text{ème}}$ allèle. Soit pour la $S^{\text{ème}}$:

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

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

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

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

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

A partir de cette hétérozygotie, trois indicateurs sont générés : F_{IS} , F_{ST} et F_{IT} . Ils mesurent l'écart de l'hétérozygotie par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW) à différents niveaux. Le premier indice F_{IS} est déterminé par la relation :

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

Cet indice, appelé coefficient de consanguinité, mesure la réduction possible de l'hétérozygotie des individus au sein de leur sous-population. En cas de consanguinité, cet indice est positif et indique un déficit d'hétérozygotie. Évidemment, il prend la valeur zéro si les sous-populations sont à EHW. En revanche, s'il est négatif, les populations présentent un excès d'hétérozygotie. Entre les sous-populations et la population totale, l'effet de subdivision est exprimé par un indice similaire :

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

Ce paramètre est appelé indice de fixation et correspond à une diminution de l'hétérozygotie de la sous-population associée à des différences de fréquences moyennes des allèles. L'indice fournit des informations sur la différenciation de la population et les effets de subdivision. Lorsque toutes les sous-populations ont la même fréquence d'allèle et sont en EHW, il prendra la valeur zéro. Sinon, l'effet Wahlund implique que H_T est supérieur à H_S , donc F_{ST} sera positif. Enfin, la formule suivante donne la réduction de l'hétérozygotie entre l'individu et la population globale théorique :

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

Ces trois indices sont liés par la relation :

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

Si toutes les sous-populations sont dans EHW, alors $F_{IS} = 0$, donc $F_{ST} = F_{IT}$. En revanche, s'ils sont tous situés dans l'EHW et ont la même fréquence d'allèle, les trois indices seront tous nuls. Dans ce cas, il n'y aura plus de division des sous-populations et la population totale est en EHW. Comme déjà souligné, l'indice de liaison F_{ST} permet de quantifier le degré de diversité génétique entre les populations.

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

Alors que F_{ST} représente la corrélation entre deux gamètes tirés au hasard dans deux sous-populations différentes et renseigne sur le niveau de différenciation ou l'individualisation des sous-populations, déficit connu sous le nom de « effet de Wahlund », $0 \leq F_{ST} \leq 1$ (NEI, 1973). Le logiciel Popgene 1.32 (YEH et al, 1997) a été utilisé pour le calcul de ces indices ; le niveau du test de signification est : $p < 0,05$.

b. Flux des gènes

La différenciation génétique entre les populations est favorisée par la dérive et limitée par le flux génétique entre les populations. La relation entre le nombre effectif d'immigrants par génération (Nm) et la différenciation génétique F_{ST} est la suivante :

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

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

Plusieurs méthodes ont été proposées pour résoudre les différences génétiques et les relations phylogénétiques entre les populations (ROGNON et VERRIER, 2007). Le calcul de la distance génétique a pour but de quantifier les différences entre les individus (dans notre cas, la population). Chaque groupe est défini par un certain nombre de critères (comme la fréquence allélique), à partir desquels la proximité ou la distance entre ces groupes peut être estimée. Le concept de « distance » équivaut à réduire les données à une seule valeur, qui représente la distance séparant les différents groupes.

Dans ce travail, nous avons utilisé deux fonctions pour calculer la distance entre paires de populations selon l'approche classique basée sur la fréquence des allèles dans chaque population, en gardant la distance standard de NEI, (1972) et REYNOLDS, (1983). Calculé par les logiciels Popgene (YEH *et al*, 1997) et Phylip (FELSENSTEIN, 1993). Chacune de ces deux distances a des propriétés spécifiques et reste adaptée à ce type de recherche. Ils ont été sélectionnés spécifiquement pour leur utilisation actuelle dans ce domaine. Rappelons que ces deux distances ont été utilisées par 17 microsatellites de l'ensemble des animaux échantillonnés dans les 8 wilayas.

c. Distances utilisées

❖ Distance standard de Nei (1972)

Il est défini par le concept d'identité génétique. C'est le rapport de la probabilité que deux allèles choisis au hasard dans deux populations soient identiques (indiscernables et différents par descendance) à la probabilité que deux allèles obtenus à partir de la même

population soient identiques. C'est la distance géométrique calculée en fonction de la fréquence allélique. Cette distance prend en compte le modèle mutation-dérive.

❖ Distance de Reynolds (1983)

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

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

Si t est petit, alors :

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

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

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

Cette distance peut mesurer la différence de population due à la dérive génétique, elle convient donc pour une courte période lorsque les mutations peuvent être ignorées. Par conséquent, la distance de Reynolds est considérée comme la distance la plus appropriée pour étudier la relation phylogénétique entre les populations de bétail (BAUMUNG *et al*, 2004; TORO *et* LERO, 2004; NEGRINI *et al*, 2006). Cette distance est généralement appelée coefficient de coancestralité.

❖ Corrélation entre matrices de distances génétiques

Sur la base de différentes théories évolutionnistes, il peut être intéressant de comparer la matrice de distance génétique entre les populations entre elles.

Comme décrit dans le programme XLSTAT (2022), nous avons effectué la corrélation entre deux matrices de distance (distance standard Nei et distance standard Reynolds). Le test de Mantel consiste à étudier la corrélation entre deux ou plusieurs matrices par un processus

de permutation (MANTEL, 1967). La signification statistique du coefficient de corrélation a été estimée par analyse de permutation en utilisant 1000 répliques.

d. Méthodes de construction des dendrogrammes

Les dendrogrammes sont des diagrammes qui expliquent graphiquement les degrés de similitude entre les groupes et qui sont hiérarchisés en faisant la moyenne entre les distances (SOLIGNAC *et al*, 1995).

Après avoir calculé les distances de Nei et Reynolds, diverses méthodes ont été utilisées pour construire les dendrogrammes, en distinguant les hypothèses évolutives et les algorithmes. Nous avons choisi « Unweighted Pair Group Method Analysis » (UPGMA) (SNEATH et SOKAL, 1973) et « Neighbour-Joining » (NJ) (SAITOU et NEI, 1987) car elles sont les plus couramment utilisées. Ces deux méthodes rassemblent des populations en commençant par la plus similaire à la moins similaire. Ainsi, dans un premier temps, les populations les plus proches sont recherchées et regroupées. Une nouvelle matrice de distance est calculée, dont la méthode de calcul diffère selon la méthode (LALIBERTE, 1998).

❖ Méthode “UPGMA”

C'est une méthode hiérarchique de construction d'arbre. Son principe repose sur le fait que la distance entre deux clusters (populations ou groupes de population) est égale à la moyenne arithmétique des deux par deux distances entre les membres des deux clusters. À chaque étape, les deux populations les plus proches seront agglomérées, et ainsi de suite jusqu'à ce que toutes les populations soient regroupées pour obtenir l'arbre final. Cette construction impose l'hypothèse que les vitesses d'évolution sont identiques entre les différentes branches de l'arbre, et donc la distance mesurée dans l'arbre entre deux populations est proportionnelle au temps de décalage entre ces dernières. Par conséquent, ces arbres sont naturellement enracinés.

❖ Méthode “Neighbor-Joining”

L'algorithme aboutit à la construction d'un arbre où la distance entre deux objets est égale à la somme des branches qui les relie. Les longueurs des branches ne sont pas égales ici et ont une certaine signification : elles représentent la quantité d'évolution de l'objet depuis sa divergence.

Le principe de cette méthode est de déterminer les paires ou les voisins les plus proches pour minimiser la longueur totale de l'arbre. Deux voisins sont deux objets connectés par un seul nœud dans un arbre non enraciné (c'est-à-dire qu'il n'a pas d'origine et reflète la distance entre les unités sans le concept d'ascendance). La topologie de l'arbre sera obtenue par regroupement consécutif de paires adjacentes. Nous commençons par un arbre en étoile, où tous les objets sont à égale distance du nœud central, puis définissons des voisins de sorte que s'ils sont regroupés, la longueur totale de l'arbre est plus courte.

L'ensemble des dendrogrammes que nous avons produit a été obtenu en utilisant les logiciels Popgene 1.32 (YEH *et al*, 1997) et Phylip (FELSENSTEIN, 1993), à partir de la matrice de distance génétique de NEI, (1972). et REYNOLDS, (1983), respectivement, entre les 8 populations asines étudiées avec 17 microsatellites.

La stabilité des branches obtenues dans les arbres est estimée à l'aide de la méthode dite Méthodes de rééchantillonnage bootstrap (FELSENSTEIN, 1985). Il consiste à dessiner et à changer le jeu de K caractères parmi les K caractères composant les données.

Finalement, le niveau de diversité de la population a été calculé à l'aide d'analyses hiérarchiques de variance moléculaire (AMOVA) réalisées par le logiciel GenAIEx 6.5 (PEAKALL *et* SMOUSE 2006, 2012). Il s'agit d'une analyse hiérarchique de la variance dont les données sont des distances génétiques entre individus et dont les hypothèses sont testées par des tests de permutation. Cette analyse nécessite d'identifier des groupes d'individus et d'affecter chaque unité à une sous-population au sein des groupes.

AMOVA décompose la variance totale en 3 composantes :

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

IV.4.2.6 Analyse factorielle des correspondances (AFC)

L'analyse de correspondance factorielle (AFC) introduite par BENZECRI *et al*, (1973) a été adaptée aux données génétiques diploïdes par SHE *et al*, (1987). AFC place chaque individu dans l'hyperespace K-dimensionnel (K est le nombre total d'allèles présents dans tous les loci) et les projette dans des plans définis par des axes orthogonaux (et donc

indépendants), ce qui explique le mieux la dispersion ponctuelle (même principe que la régression). La mesure de la précision de ces axes définis est le pourcentage d'inertie de chaque axe. Puisqu'il y a K axes, un axe représentant $100 / K\%$ d'inertie ne veut rien dire. Ainsi, l'inertie n'est pas seulement proportionnelle à la quantité d'informations représentée par l'axe respectif, mais est également fonction du nombre total d'axes (plus il y a d'axes, plus chaque axe peut avoir une inertie très élevée). L'AFC est une procédure qui peut s'avérer utile pour classer les individus en fonction de leur proximité génétique.

Afin d'évaluer la relation phylogénétique entre les 8 populations asines étudiées, les résultats du génotypage de 17 microsatellites ont été utilisés pour l'analyse de correspondance factorielle (AFC). Dans cette méthode, l'objet analysé est représenté sous la forme d'un nuage des points dans l'hyperespace, qui a autant de dimensions que la forme (population et individu). L'algorithme détermine une série d'axes de facteurs. Par convention, le premier axe est l'axe qui contribue le plus à l'inertie totale **Genetix 4.03 (BELKHIR et al, 2002)**.

IV.4.2.7 Méthodes de clustering

La méthode développée par **PRITCHARD et al, (2000)** et décrit ci-dessus, par définition, peut être utilisée pour attribuer des individus à une population. De cette manière, chaque population forme un cluster (groupe de population).

Cette méthode définit les sous-groupes « K » en affectant des individus à un ou plusieurs groupes « cluster » avec un certain pourcentage, sans aucune information préalable pour savoir qu'ils appartiennent à un certain groupe. Démarrez l'analyse structurelle, le « vieillissement » est de 50 000, puis effectuez 100 000 itérations. Fixez K entre 2 et 9, puis effectuez vingt séries de simulation MCMC (Markov Chain Monte Carlo).

Afin de déterminer la valeur la plus probable de K et donc le nombre le plus probable de sous-populations, la courbe d'évolution de la probabilité logarithmique en fonction de K peut dans certains cas montrer un maximum ou un plateau en un point donné, qui est alors considéré comme la valeur optimale de K (**PRITCHARD et al, 2000**). Cette méthode ne réussit pas toujours, ce qui incite au développement d'une autre méthode de sélection de K (**EVANNO et al, 2005**). Cette dernière méthode est basée sur la variation de second ordre du log-likelihood, qui semble être plus efficace pour certaines données (**CAMUS-KULANDAIVELU, 2007**). Dans notre étude, nous avons estimé la valeur la plus probable de

K en utilisant l'indice de second ordre $\Delta(K)$ selon **EVANNO et al, (2005)** en utilisant l'application en ligne de Structure Harvester 0.6.1 (**EARL et VONHOLDT, 2011**).

IV.4.2.8 Méthodes d'affectation des individus à une population

La capacité d'assigner un individu à une population est une approche particulière de l'étude de la diversité génétique entre les populations, car elle permet d'identifier la population de l'individu à partir de l'échantillon d'ADN de manière fiable. Cette affectation a également une utilité beaucoup plus pratique lors de l'inscription à titre initial d'un individu de généalogie inconnue à une population (**LEROY, 2008**).

L'allocation individuelle est définie comme la probabilité qu'un individu soit attribué à une population, qui est calculée selon l'algorithme proposé par **PAETKAU et al, (2004)**. Le principe est d'ignorer les informations sur l'origine des populations animales, de les classer en fonction de leur similitude avec les marqueurs microsatellites en fonction de leurs génotypes, de calculer la fiabilité de la classification dans un grand nombre de répétitions (10000) puis cette classification comparez l'origine ethnique. Le logiciel utilisé est GeneClass2 (**PIRY et al, 2004**). Les critères de maintien de l'allocation sont les critères de **RANNALA et MOUNTAIN, (1997)**, et l'individu est classé dans la population ayant la probabilité d'attribution la plus élevée.

Selon le génotype de chaque individu, la méthode de la fréquence calculée consiste à estimer la probabilité d'appartenir à une population différente et à l'attribuer à la population la plus probable. Supposons que la population soit dans un équilibre Hardy-Weinberg (**GAOUAR,2009**).

Résultats et Discussion

CARACTERISATION MORPHOMETRIQUE

I. Résultats et Interprétation

I.1. Caractères morphométriques

Les analyses statistiques ont été réalisées pour décrire la population asine dans la région ouest et extrême sud algérien et voir une idée sur la différenciation des individus.

I.1.1. Mensurations corporelles

I.1.1.1. Analyse descriptive

Les moyennes, les écarts-types, les minimas, les maximas et des variances des mensurations corporelles des ânes sont rapportés dans le tableau 13

Tableau 13. Analyse descriptive des mensurations corporelles chez la population asine étudiée

	Minimum	Maximum	Moyenne	Erreur standard	Ecart type	Variance
(LSI)	72	119	98,25	0,58	9,90	98,09
(HG)	85	144,5	108,96	0,54	9,19	84,54
(TP)	100	160	120,51	0,57	9,79	95,87
(LH)	10,5	65	35,29	0,45	7,72	59,53
(LE)	18	40	27,22	0,23	4	16,00
(Pc)	12	32	16,87	0,16	2,7	7,29
(LT)	35	62	49,70	0,31	5,28	27,89
(LO)	17,5	39	26,14	0,24	4,16	17,29
(LQ)	19	79	41,28	0,57	9,85	96,98
(LaT)	18	68	26,65	0,61	10,40	108,10
(TM)	26	57	42,51	0,32	5,52	30,52
Pv1	107,25	385,46	180,10	2,40	41,21	1 698,49
Pv2	91,19	316,86	151,67	1,96	33,69	1 134,96

Longueur scapulo ischiale (LSI), Hauteur au garrot (HG), Tour de poitrine (TP), Largeur aux hanches (LH), Largeur aux épaules (LE), Périmètre du canon (PC), Longueur de la tête (LoT), Longueur de l'oreille (LoO), Longueur de la queue (LQ), Largeur de la tête (LaT), Tour du museau (TM)

I.1.1.2. Variation des variables selon le sexe

Les mensurations corporelles étudiées chez les deux sexes de la population étudiée sont présentes dans le tableau 14. Il Ya des différences significatives de la longueur scapulo ischiale (LSI) et de Largeur aux épaules (LE), hautement significative de la Largeur aux hanches (LH) et très hautement significative de Tour du museau (TM) ($p < 0,05$) entre les deux sexes, pour les autres caractères Il n'existe pas des différences significatives ($p > 0,05$).

Tableau 14. Variations des variables selon le sexe

Sexe	Male	Femelle	
N	163	131	P value
(LSI)	99,30 ± 9,45	96,95 ± 10,32	*
(HG)	108,95 ± 8,65	108,97 ± 9,87	ns
(TP)	120,26 ± 9,64	120,81 ± 10,01	ns
(LH)	34,31 ± 5,89	36,50 ± 9,40	**
(LE)	26,80 ± 3,95	27,75 ± 4,01	*
(Pc)	17,12 ± 2,91	16,57 ± 2,40	ns
(LoT)	49,81 ± 5,30	49,57 ± 5,28	ns
(LoO)	26,30 ± 4,08	25,94 ± 4,26	ns
(LQ)	40,99 ± 8,97	41,65 ± 10,86	ns
(LaT)	27,42 ± 11,42	25,69 ± 8,92	ns
(TM)	43,27 ± 5,35	41,58 ± 5,61	***
Pv1	179,06 ± 41,18	181,38 ± 41,37	ns
Pv2	150,79 ± 33,85	152,75 ± 33,59	ns

*: significatif ($< 0,05$), **: très significative ($< 0,01$), ns : non significatif. Longueur scapulo ischiale (LSI), Hauteur au garrot (HG), Tour de poitrine (TP), Largeur aux hanches (LH), Largeur aux épaules (LE), Périmètre du canon (PC), Longueur de la tête (LoT), Longueur de l'oreille (LoO), Longueur de la queue (LQ), Largeur de la tête (LaT), Tour du museau (TM)

I.1.1.3. Variation des variables selon les régions

Les mensurations corporelles étudiées chez les populations étudiées dans différent régions sont présentes dans le tableau 15. Il existe des différences hautement significatives des caractères entre les 8 wilayas ($p < 0,05$).

RESULTATS ET DISCUSSION

Tableau 15. Variations des variables selon les régions d'étude

Régions	Tlemcen	Saïda	Tiaret	Adrar	Naâma	Sidi belabbès	Aïn Témouchent	El-Bayadh	P value
N	155	21	21	21	16	15	16	29	
LSI	102,73± 7,27	86,62± 7,49	88,14±5,90	93,95± 6,80	92,78± 7,29	88,53± 10,83	93,31± 2,85	103,93 ± 11,33	***
HG	110,86± 9,77	113,48± 9,42	107,76± 8,14	103,00±5,34	100,41± 2,40	98,27± 4,95	111,22± 2,59	109,69 ± 6,32	***
TP	122,55± 9,41	123,00± 12,09	119,05± 12,66	120,67± 7,67	110,91± 5,07	112,87± 6,61	113,19± 3,12	121,98 ± 8,22	***
LH	36,55± 5,06	24,14± 4,39	32,43± 4,26	34,10± 3,90	35,38± 3,53	57,40± 4,65	31,66± 1,31	30,03± 4,35	***
LE	27,62± 3,50	25,81± 3,78	24,71± 2,03	27,14± 3,55	25,44± 3,48	33,13± 3,38	23,28± 1,59	28,14± 5,18	***
PC	17,72± 2,73	15,33± 2,06	16,52± 2,29	14,95± 3,44	15,00± 1,18	18,00± 2,21	15,66±1,12	16,21± 1,86	***
LoT	50,07± 5,35	49,81± 6,25	49,81± 5,46	50,19± 3,57	48,53± 2,60	42,00± 4,48	48,06± 2,69	52,76± 3,75	***
LoO	28,10± 3,70	25,62± 3,61	25,14± 2,46	26,38± 4,33	23,66± 3,22	21,63± 1,11	21,91± 3,84	22,62±2,16	***
LQ	42,70± 7,06	47,67± 9,76	45,05± 3,02	57,14± 9,07	37,25± 5,00	29,17± 5,46	33,97± 3,16	27,36± 3,69	***
LaT	23,80± 2,69	22,10± 2,74	23,86± 1,90	23,19± 2,62	20,34± 1,22	27,53± 2,02	21,34± 1,29	55,66± 9,44	***
TM	44,94± 5,32	37,57± 3,17	37,91 ± 3,58	42,57± 4,12	41,56± 4,10	34,57 ± 5,11	41,94± 2,63	41,41± 2,66	***
PV1 (Kg)	188,53± 41,14	192,98± 51,99	175,93± 53,19	177,08± 30,05	141,06± 17,17	147,11± 21,65	151,94± 10,73	185 ± 30,77	***
PV2 (Kg)	158,35± 33,53	161,02± 41,88	148,20± 43,47	151,29± 5,65	120,49± 14,88	126,55±19,16	126,82± 9,02	155,86± 26,24	***

*: Significant (< 0.05), **: very significant (< 0.01), ns: non significant. Longueur scapulo ischiale (LSI), Hauteur au garrot (HG), Tour de poitrine (TP), Largeur aux hanches (LH), Largeur aux épaules (LE), Périmètre du canon (PC), Longueur de la tête (LoT), Longueur de l'oreille (LoO), Longueur de la queue (LQ), Largeur de la tête (LaT), Tour du museau (TM)

I.1.1.4 Corrélations des mensurations corporelles

Tableau 16. Matrice de corrélation de Pearson

	LSI	HG	TP	LH	LE	Pc	LoT	LoO	LQ	LaT	TM	pv1	pv2
LSI	1												
HG	0,326**	1											
TP	0,245**	0,541**	1										
LH	0,014	-0,094	0,010	1									
LE	0,188**	0,109	0,333**	0,393**	1								
Pc	0,195**	0,185**	0,453**	0,231**	0,377**	1							
LoT	0,330**	0,558**	0,619**	-0,168**	0,156**	0,395**	1						
LoO	0,285**	0,380**	0,553**	-0,017	0,225**	0,413**	0,471**	1					
LQ	0,037	0,214**	0,203**	-0,085	-0,057	-0,035	0,149*	0,311**	1				
LaT	0,229**	0,048	0,074	-0,115*	0,142*	-0,012	0,193**	-0,254**	-0,408**	1			
TM	0,392**	0,429**	0,422**	0,031	0,146*	0,236**	0,392**	0,438**	0,257**	-0,054	1		
Pv1	0,235**	0,607**	0,990**	0,005	0,336**	0,443**	0,631**	0,552**	0,209**	0,064	0,426**	1	0,997**
Pv2	0,223**	0,544**	0,995**	0,012	0,343**	0,453**	0,615**	0,547**	0,201**	0,066	0,411**	0,997**	1

D'après les résultats présentés dans le tableau 16, on constate qu'il Ya des variables qui sont positivement ou bien négativement corrélées entre eux, bien que certaines corrélations ne soient pas significatives (valeurs en gras dans le tableau).

I.1.1.5 Variation des individus

a. Analyse des variables morphométriques

L'analyse en composante principale (ACP) a été réalisée sur les variables étudiées. Le résultat de cette analyse a montré que ces variables ont présentées 54,11 % de l'inertie totale sur les deux axes, ce qui est relativement moyen (Tableau 17). L'analyse des paramètres étudiés montre que les deux axes présentent respectivement 39,90 % et 14,20 % de l'inertie totale. L'axe 1 (39,90%) est représenté par les variables suivantes LSI, HG, TP, LE, PC, LOT, LOO, TM, PV1, PV 2. L'axe 2 (14,20 %) : est représenté par les variables suivantes : LH, LAT, LQ (Figure18)

Tableau 17. Valeurs propres

composant	Valeurs propres initiales		
	totale	% de variance	% cumulatif
1	5,19	39,90	39,90
2	1,85	14,20	54,11

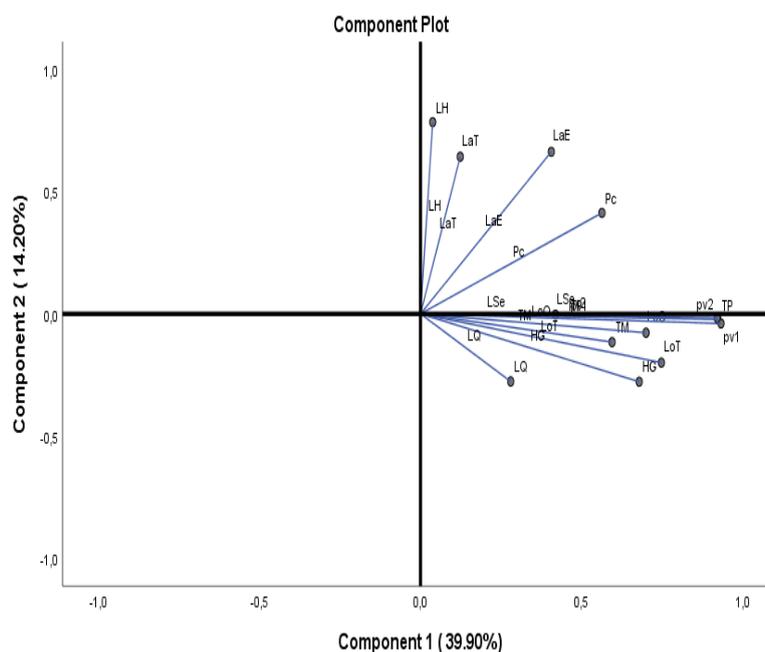


Figure 18. Présentation des mensurations corporelles par ACP chez la population asine

b. Analyse des individus

La classification hiérarchique ascendante (figure 19) a donné lieu à deux grandes catégories d'individus. La première classe contient 3 wilayas : Sidi Belabbès, Naâma et Ain temouchent. La deuxième classe est la classe majoritaire et contient le reste des wilayas : Elbayadh, Tlemcen, Saida, Tiaret et Adrar. Ces classes ne correspondent pas chacune à un type agroécologique et, par conséquent, cette classification correspond probablement à un schéma sélectif convergent au sein de chaque classe.

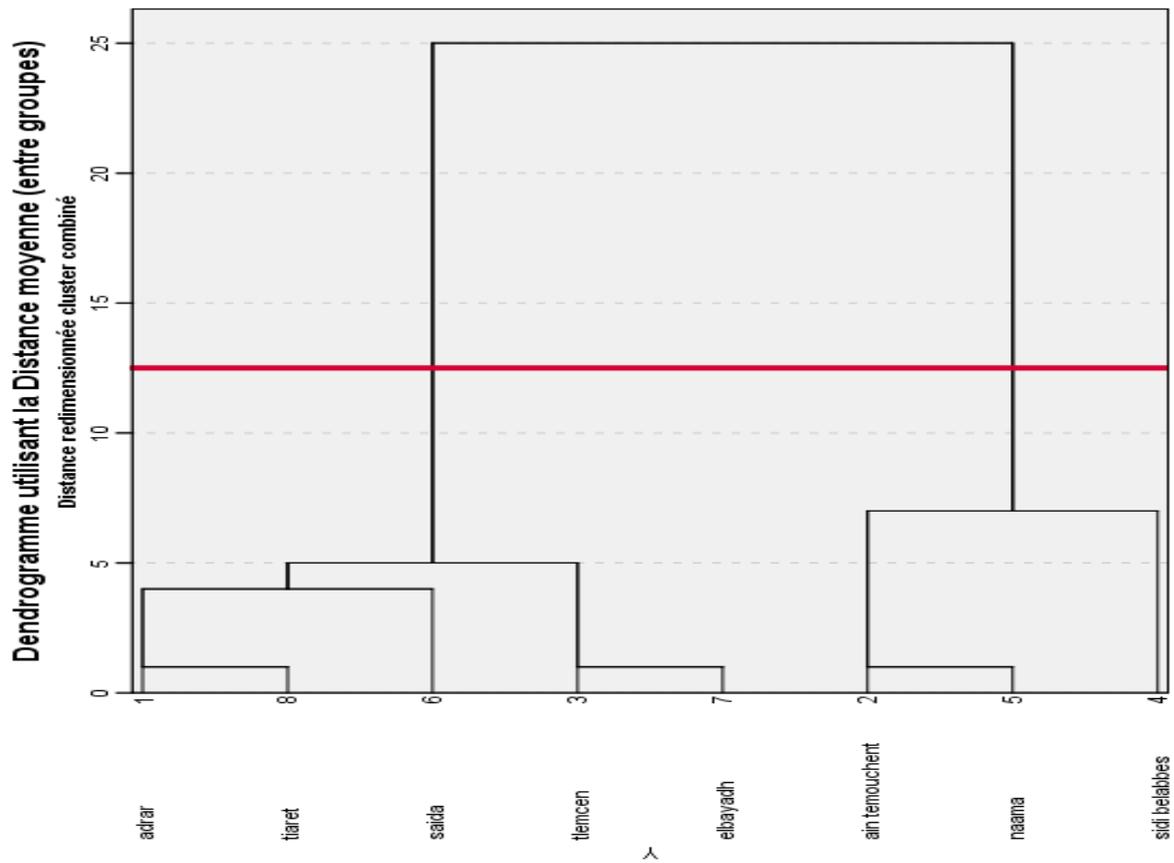


Figure 19. Arbre hiérarchique utilisant la distance moyenne (entre les classes) dans la population à l'étude.

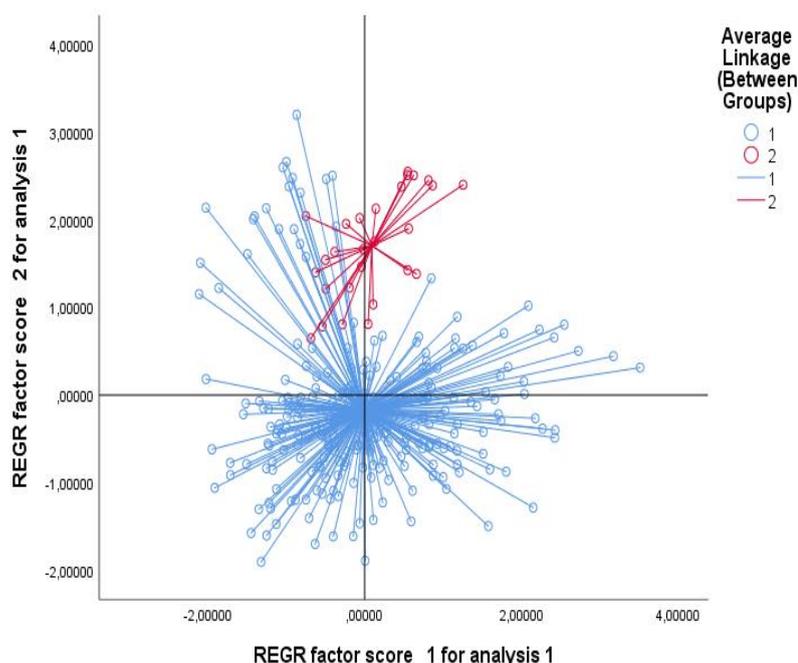


Figure 20. Présentation des individus de la population asine par ACP

Classe 01 : Les animaux de cette classe (40 individus) ont des (LSI) ($99,1 \pm 8,5$) cm, plus hauts ($119,2 \pm 9,9$) cm leurs cavités thoracique est plus développée ($136,3 \pm 3,4$) cm et ils sont plus larges avec des largeurs aux hanches et a épaules ($36,6 \pm 6,7$) cm et ($29,4 \pm 3,9$) cm respectivement que la deuxième classe , leurs oreilles sont ($30,2 \pm 3,3$) cm de longueur, la longueur et la largeur de tête est de ($56 \pm 3,3$) cm et ($27,1 \pm 10,7$) cm respectivement le tour de museau est ($46,8 \pm 5,4$) cm et la queue est de ($42,68 \pm 2,10$) cm de longueur.

Classe 02 : c'est la classe majoritaire de la population étudiée avec 254 animaux, ils ont un format moins important que les animaux de la première classe (Tableau18)

Tableau 18. Classification des ânes par ACP

	Classe 01	Classe 02
N	40	254
LSI	$99,4 \pm 7,9$	$98,1 \pm 10,2$
HG	$120,4 \pm 9,6$	$107,2 \pm 7,7$
TP	$138 \pm 5,8$	$117,7 \pm 7,1$
LH	$36,5 \pm 6,2$	$35,1 \pm 7,9$
LE	$29,7 \pm 4,2$	$26,8 \pm 3,8$
PC	$19,3 \pm 3,7$	$16,5 \pm 2,3$

RESULTATS ET DISCUSSION

LoT	55,9±3,2	48,7±4,9
LoO	30,3±3,1	25,5±3,9
LQ	45,8±8	40,6±9,9
LaT	23,8±3	23,6±2,8
TM	46,8±5,4	41,8±5,2
Pv1	258,55±31,4	167,74±26,24
Pv2	214,98±25,32	141,7±21,96

Longueur scapulo ischiale (LSI), Hauteur au garrot (HG), Tour de poitrine (TP), Largeur aux hanches (LH), Largeur aux épaules (LE), Périmètre du canon (PC), Longueur de la tête (LoT), Longueur de l'oreille (LoO), Longueur de la queue (LQ), Largeur de la tête (LaT), Tour du museau (TM)

I.1.2. Les indices corporels

Tableau 19. Indices zootechniques calculés

	Minimum	Maximum	moyenne	Erreur standard	Écart standard	Variance
PI	0,78	1,58	1,1176	0,00712	0,122	0,015
BI	0,55	1,13	0,8189	0,00533	0,09145	0,008
CI1	0,99	2,92	1,6462	0,01784	0,30596	0,094
CI2	0,81	02,4	1,3886	0,01515	0,25983	0,068
IC	0,32	0,84	0,4800	0,00473	0,08102	0,007
IL	0,63	1,28	0,9056	0,00574	0,09837	0,010
DT	0,89	1,47	1,1100	0,00526	0,09027	0,008

(PI) Indice de profil, (BI) Indice corporel, (CI1) Indice de compacité lié au poids vif 1, (CI2) Indice de compacité lié au poids vif 2, (IC) indice céphalique, (IL) Indice de la longueur, (DT) indice de Développement thoracique

Le profil et les indices corporels ($PI \approx 1$ et $BI \geq 0,80$) nous ont permis d'organiser la population selon la forme allongée, selon les indices corporels ($CI1 \approx CI2 > 1$), ils ne pouvaient même pas supporter leurs propres charges de poids. Les résultats ont indiqué que les ânes étaient plus lourds que leur taille ; ils étaient en surpoids (tableau 19).

RESULTATS ET DISCUSSION

Selon l'indice céphalique (IC) ($0,48 < 1$) on peut dire que notre population ont une tête longue, la forme selon l'indice de la longueur (IL) est carré ($IL \approx 0,91 < 1,10$), la valeur de l'indice DT est de 1,10 c'est à dire qu'on a un développement thoracique moyen.

Tableau 20. Variations des indices corporels des individus selon les régions et le sexe

	N	PI	BI	CI1	CI2	IC	IL	DT
Femelle	131	1,13±0,14	0,81±0,10	1,66±0,30	1,40±0,26	0,48±0,08	0,89±0,10	1,11±0,09
Mâle	163	1,10±0,11	0,83±0,09	1,64±0,31	1,38±0,26	0,47±0,07	0,91±0,08	1,10±0,08
p		**	**	Ns	Ns	Ns	Ns	Ns
Tlemcen	155	1,08±0,11	0,84±0,08	1,70±0,31	1,43±0,26	0,48±0,07	0,93±0,09	1,11±0,09
Saïda	21	1,31±0,09	0,71±0,07	1,68±0,35	1,40±0,28	0,4±0,04	0,76±0,05	1,08±0,06
Tiaret	21	1,22±0,07	0,74±0,05	1,61±0,37	1,36±0,30	0,4±0,06	0,82±0,04	1,10±0,05
Adrar	21	1,10±0,11	0,78±0,07	1,72±0,27	1,47±0,23	0,46±0,03	0,91±0,08	1,17±0,07
Naâma	16	1,09±0,07	0,84±0,05	1,40±0,16	1,20±0,14	0,41±0,03	0,92±0,06	1,10±0,04
Sidi belabbès	15	1,12±0,09	0,79±0,11	1,50±0,23	1,29±0,21	0,66±0,08	0,89±0,06	1,15±0,09
Aïn Témouchent	16	1,19±0,04	0,83±0,04	1,37±0,09	1,14±0,08	0,44±0,01	0,84±0,03	1,01±0,03
Elbayadh	29	1,06±0,10	0,86±0,12	1,69±0,27	1,42±0,24	0,47±0,06	0,94±0,08	1,11±0,08
p		***	***	***	***	***	***	***

$P < 0,05$ = différence significative ; $P < 0,01$ = différence significative ; $P < 0,001$ = différence très hautement significative

Les indices zootechniques liés au profil et au corps (PI, BI) sont influencés par le sexe mais pour les autres (CI1, CI2, IC, IL, DT) il n'y a pas de différence significative ($P > 0,05$). Tous ces paramètres sont influencés par les régions ($p < 0,05$)

I.1.2.1. Indice de Shannon pour les caractères quantitatifs

Tableau 21. Indice de diversité de Shannon pour l'échantillon à l'étude.

caractères	indice de Shannon
LSI	0,99991654

RESULTATS ET DISCUSSION

HG	0,99805364
TP	0,99904161
LH	0,99750765
LE	0,98990752
PC	0,97648401
LOT	0,997334
LOO	0,99688674
LQ	0,99964757
LAT	0,98614256
TM	0,99853155
PV1	0,99900188
PV2	0,99904161
PI	0,98929019
BI	0,99479575
CI1	0,99971621
CI2	0,99944527
IC	0,99246926
IL	0,99733703
DT	0,9835932
moyenne	0,99470719

Les 20 caractères étudiés ont montré des niveaux de diversité similaires (entre 0,97 et 0,99), ce qui peut s'expliquer par le fait que ces caractères sont probablement contrôlés par des gènes qui n'ont aucun effet significatif sur l'organisme (possibilité de mutations cumulatives dans les gènes sur plusieurs générations). Il est également noté que cet indice est relativement faible, reflétant probablement une faible diversité génétique.

I.1.2.2. Indice de de Shannon par population :

Tableau 22 : Indice de Shannon par wilayas pour la population étudiée

populations	nombre d'individus de chaque population	SI
Tlemcen	155	0,337496499
El bayadh	29	0,228476987
Naâma	16	0,158421281
Adar	21	0,188504095
Tiaret	21	0,188504095
Saida	21	0,188504095
Ain temouchent	16	0,158421281
sidi belabbès	15	0,151812733
Totale	294	1,600141067

(SI) : *indice de Shannon.*

Selon ce tableau la valeur de l'indice de Shannon est 1,6 comprise entre $1,5 < SI < 2,5$, alors, la Diversité est moyenne.

I.1.3. Caractères qualitatifs

I.1.3.1. Analyse descriptive

Tableau 23. Analyse descriptive des caractères qualitatifs chez la population asine étudiée

Caractères qualitatifs	Effectif	Pourcentage	
Couleur de la robe	Rousse	16	5,4
	Marron	161	54,8
	Noire	49	16,7
	Grise	64	21,8
	Blanc	4	1,4
Couleur de la tête	Grise	83	28,2
	Noire	58	19,7

RESULTATS ET DISCUSSION

	Blanche	55	18,7
	Marron	98	33,3
Couleur du museau	Grise	95	32,3
	Blanche	155	52,7
	Noire	28	9,5
	marron	16	5,4
	Grise	57	19,4
Couleur des membres	Noire	86	29,3
	Blanche	51	17,3
	Marron	100	34,0
	Grise	41	13,9
Couleur des crins	Noire	88	29,9
	Blanche	29	9,9
	Marron	136	46,3
	Grise	117	39,8
Couleur du ventre	Marron	57	19,4
	Noir	7	2,4
	Blanche	113	38,4
	Claire	180	61,2
Couleur des muqueuses	foncée	114	38,8

I.1.3.2. Variation des individus

a. Analyse des variables

Tableau 24. Valeurs propres

Résumé du modèle				
Dimension	coefficient alpha de Cronbach	Écart pris en compte		
		Total (valeur propre)	inertie	% de variance
1	0,793	3,125	0,446	44,640
2	0,768	2,925	0,418	41,779
Total		6,049	0,864	
Mean	0,781 ^a	3,025	0,432	43,210
a. L'alpha de Cronbach moyen est basé sur la valeur propre moyenne.				

L'analyse effectuée sur 294 animaux de la population asine dans régions d'étude montre que les deux premiers axes factoriels 1 et 2 expriment respectivement 44,64 % et 41,77 % de l'inertie, dont l'inertie totale est de 86,4%. L'axe 1 (44,64 %) est présenté par les variables suivantes : Couleur de la robe, la tête, les membres e la couleur des crins. L'axe 2 (41,77%) est présenté par les variables suivantes : Couleur de la robe, du museau et la couleur du ventre (Figure 23).

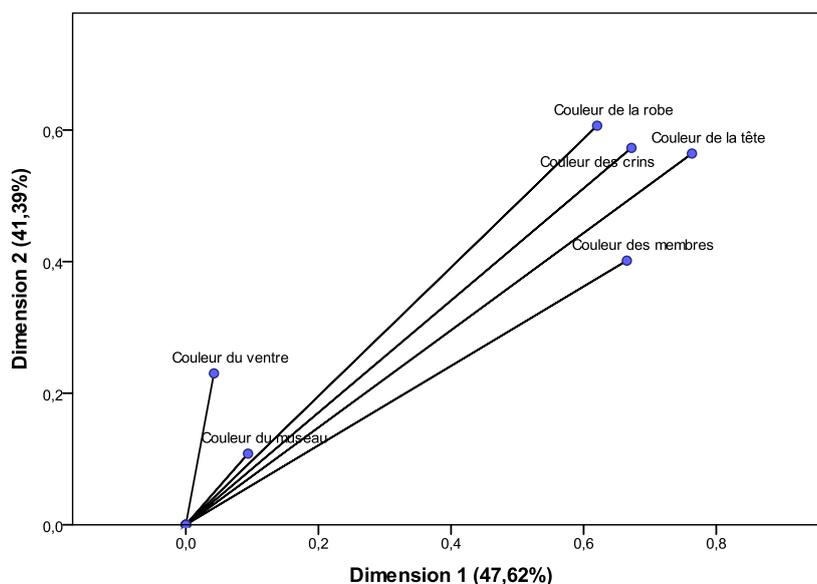


Figure 21. Représentation graphique des variables par ACM

b. Analyse des individus

L'analyse factorielle des correspondances multiples ACM (Figure 23) et la classification ascendante hiérarchique (Figure 22) ont permis de déterminer cinq classes (tableau 2)

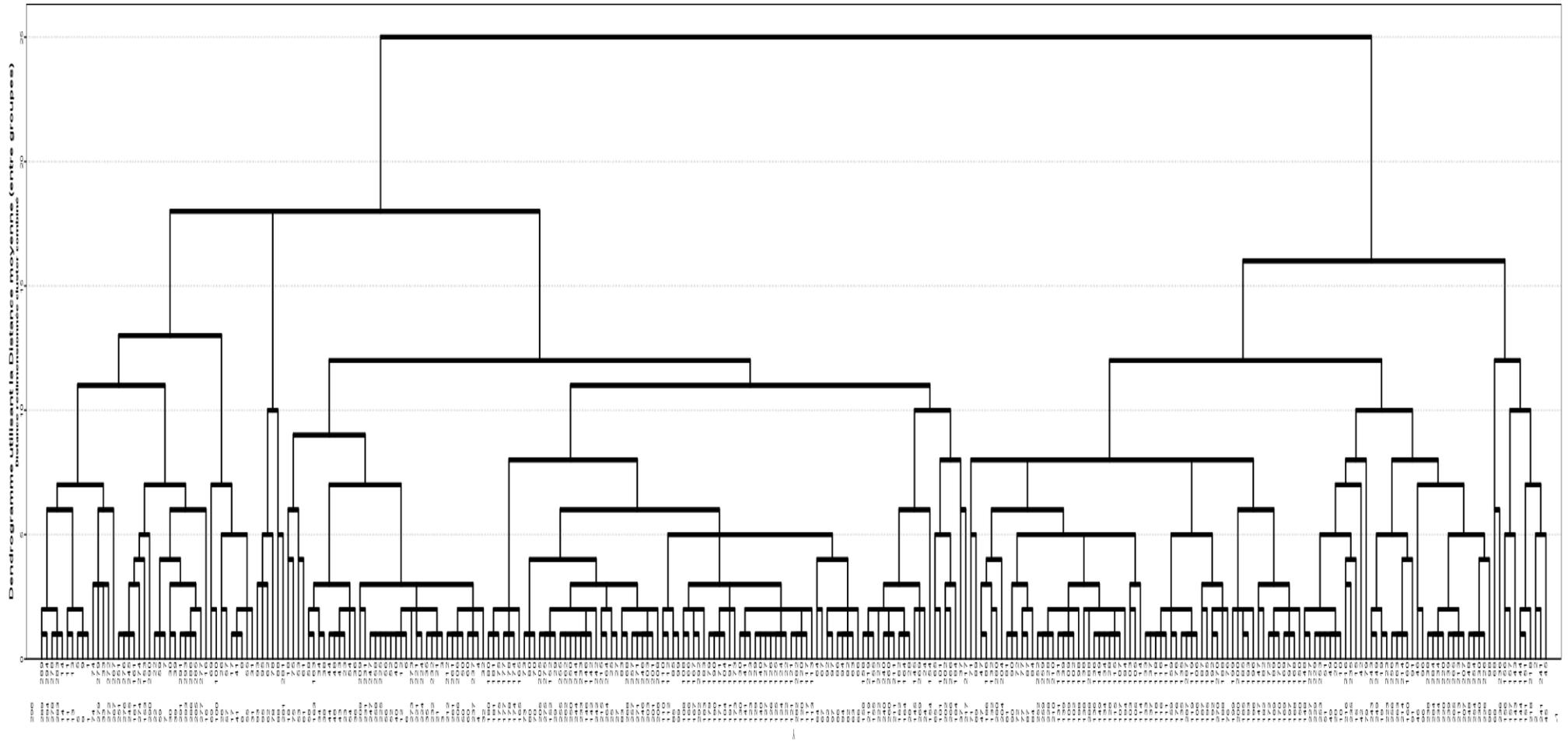


Figure 22. Arbre hiérarchique utilisant la distance moyenne (entre classes) chez la population asine

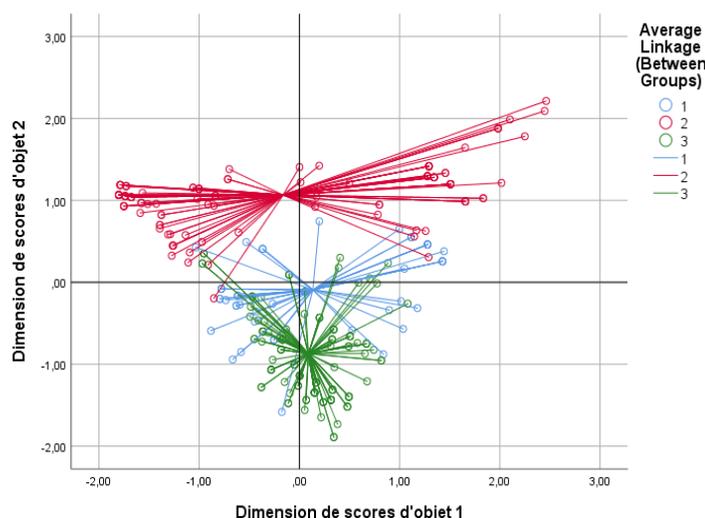


Figure 23. Présentation des individus par ACM

Classe 01 : Les animaux de cette classe sont 48 individus dont la majorité ont une robe marronne (93,8%). La couleur grise est dominante dans la plupart du corps des animaux : le ventre est grisâtre chez tous les individus (54,2%) alors que 58,3% ont une tête, un museau gris et des membres gris et noirs. Les crins sont noirs (37,5%) chez quelques-uns et marron chez la plupart des animaux (47,9%), les muqueuses sont claires (60,4%).

Classe 02 : Les animaux de cette classe (113 individus) présentent deux types de couleur de la robe où 56,6% des animaux ont une robe grise, alors que le reste ont une robe noire (43,4%). La tête est grise (48,7%) mais chez quelques individus elle peut être noire (33,6%) ou blanche (15,9%), les membres sont soit noirs (41,6%), soit gris (31,9%), soit blancs (24,8%). Le museau et le ventre sont blancs (58,4%) et (49,6%) respectivement. Les crins sont gris (34,5%) ou noirs (49,6%) et des muqueuses sont claires (64,6%).

Classe 03 : Les animaux de cette classe constituent la majorité de la population (133 individus). Le marron est la couleur de robe dominante dans cette classe (87,2%). La tête marron (72,2%). Le museau peut être blanc (55,6%), gris (30,1%). Les membres sont marrons (63,2%), ils peuvent être aussi noirs (18,0%), blancs (14,3%) ou gris (4,5%) avec des crins marron (76,7%) et un ventre est blanc (38,3%) ou gris (36,8%) les muqueuses sont claires (58,6%).

Tableau 25. Caractères des classes déterminées par l'analyse par ACM

Caractères qualitatifs		Classe 01	Classe 02	Classe 03
		48	113	133
Couleur de la robe	Grise	-	56,6%	-
	Marron	93,8%	-	87,2%
	Noire	-	43,4%	-
	Rousse	6,3%	-	9,8%
	Blanche	-	-	3,0%
Couleur de la tête	Grise	58,3%	48,7%	-
	Noire	39,6%	33,6%	0,8%
	Blanche	2,1%	15,9%	27,1%
	Marron	-	1,8%	72,2%
Couleur du museau	Grise	52,1%	26,5%	30,1%
	Blanche	31,3%	58,4%	55,6%
	Noire	8,3%	15,0%	5,3%
	Marron	8,3%	-	9,0%
Couleur des membres	Grise	31,3%	31,9%	4,5%
	Noire	31,3%	41,6%	18,0%
	Blanche	8,3%	24,8%	14,3%
	Marron	29,2%	1,8%	63,2%
Couleur des crins	Grise	4,2%	34,5%	-
	Noire	37,5%	49,6%	10,5%
	Blanche	10,4%	6,2%	12,8%
	Marron	47,9%	9,7%	76,7%

RESULTATS ET DISCUSSION

Couleur du ventre	Grise	54,2%	37,2%	36,8%
	Marron	33,3%	7,1%	24,8%
	Blanc	12,5%	49,6%	38,3%
	Noir	-	6,2%	-
Couleur des muqueuses	Claires	60,4%	64,6%	58,6%
	Foncées	39,6%	35,4%	41,4%

II. Discussion

II.1. Caractères morphométriques

Les mensurations corporelles n'ont pas seulement utilisé pour la caractérisation des animaux mais aussi pour la détermination du poids vif (**PEARSON et OUASSAT, 2000 ; VALL et al,2002**).

La hauteur au garrot et le tour de poitrine permettent de déterminer le poids de l'âne ; en utilisant le nomogramme (**PEARSON et OUASSAT, 2000 ; VALL et al,2002**).

La force de traction fournie par un animal étant fonction de son poids vif, connaître le poids vif d'un animal de trait permet d'adapter son travail à ses capacités physiques. Sa capacité pendant longtemps dépend des réserves de son corps (**VALL et al, 2002**). Nous pourrions estimer le poids des ânes en utilisant les deux formules citées par **SVENDSEN, (1997)** et **PEARSON et OUASSAT (2000)** après avoir pris des mesures corporelles.

$$\text{Poids (kg)} = (\text{Tour de poitrine TP (cm)}^{2,576} \times (\text{Hauteur au garrot HG (cm)}^{0,240}) / 3968$$

(**SVENDSEN,1997**)

PEARSON et OUASSAT (2000) travaillant sur les ânes du Maroc ont montré que le périmètre thoracique (TP)est la variable, la plus appropriée pour l'estimation du poids vif de

l'animal. Et cela dans des cas où la contention de l'animal est difficile donc il est préférable d'utiliser une formule pour calculer le poids vif en utilisant le TP seulement

$$\text{Poids vif (kg)} = \text{Tour droit de poitrine (cm)} \times 2.65 / 2188$$

PEARSON et OUASSAT (2000)

Le facteur le plus critique à prendre en compte lors du rendu d'un compte au format animal est la hauteur au garrot (HG).

Pour la population que nous avons étudiée qui a un HG moyen de $108,96 \pm 9,19$ cm et un TP de $120,02 \pm 9,79$ cm et après avoir utilisé les formules mentionnées ci-dessus, nous avons remarqué que le poids vif moyen dans les deux formules est presque le même. Même, il est de $180,10 \pm 41,21$ kg selon la formule de **SVENDSEN, 1997** et de $151,67 \pm 33,69$ kg selon la formule **PEARSON et OUASSAT (1996 ; 2000)**. D'après **SVENDSEN, 1997** et **PEARSON et OUASSAT (1996 ; 2000)**, on peut dire que la population étudiée est en bon état corporel avec un effet remarquable du sexe sur le poids des ânes.

En comparant cette population avec des populations étudiées dans d'autres pays, on voit que le poids vif de l'âne étudié est légèrement inférieur à celui de la Tunisie (201 ± 46 kg) (**AROUA et al, 2020**) mais en comparaison avec celui de l'Egypte (186 ± 24 kg) (**MOSTAFA et al, 2020**) on constate une similitude de poids entre les deux populations; concernant l'âne sénégalais ($123,8 \pm 22,1$ kg) (**ROAMBA, 2014**) et l'âne du Sahel du Burkina Faso ($133,6 \pm 16,5$ kg) (**KABORE, 2014**), notre population reste plus important en termes de condition corporelle, les deux derniers sont légères par rapport à notre population. La population étudiée est également jugée moins légère en la comparant à des races européennes tels que : le baudet du Poitou d'un poids allant jusqu'à 480 kg (**RAVENAU et DAVEZE, 1996**) et l'âne catalan. Qui peut peser jusqu'à 500 kg selon (**SADAKA, 2012**).

Le résultat de notre étude a montré une relation significative selon le sexe pour quatre mensurations corporelles à savoir LSI (longueur scapulo-eschiale) ; LH (largeur au hanches) ; LE (largeur aux épaules) ; TM (tour de museau), les valeurs moyennes (en cm) entre les mâles et les femelles avec un taux respectif de : $99,30 \pm 9,45$ / $96,95 \pm 10,32$; $34,31 \pm 5,89$ / $36,50 \pm 9,40$; $26,80 \pm 3,95$ / $27,75 \pm 4,01$; $43,27 \pm 5,35$ / $41,58 \pm 5,61$.

L'analyse en composantes principales (ACP) a montré une hétérogénéité au sein de la population asine, ou deux classes ont été observées :

La classe minoritaire regroupe 40 individus d'une grande taille, plus haut, plus large, plus longilignes avec des oreilles plus longues.

La deuxième classe inclus 254 individus d'une taille petite par rapport aux animaux de classe 01. Elle se caractérise par une petite tête ($48,7 \pm 4,9$ cm de longueur et $23,6 \pm 2,8$ cm de largeur), et une croupe moins développée ($35,1 \pm 7,9$ cm).

L'analyse des composantes principales (ACP) a démontré deux composantes qui constituent 39,90 % et 14,20 % de l'inertie totale. Une corrélation positive a été observée entre les mensurations principales de deux composantes :

La composante 1 renferme les mensurations suivantes : longueur scapulo-ischiale (LSI), hauteur au garrot (HG), tour de poitrine (TP), largeur au épaules (LE), périmètre du canon (PC), longueur de la tête (LoT), longueur des oreilles (LoO), tour de museau (TM), poids vif 1 (PV1), poids vif 2 (PV2)

La composante 2 renferme : largeur aux hanches (LH), Largeur de la tête LAT, longueur de la queue (LQ).

A titre indicatif nous avons opté pour une comparaison des mensurations de l'espèce asine algérienne issus de huit wilayas avec celle des pays mentionnés ci-dessous :

Les mensurations céphaliques ont présenté une largeur de tête ($22,98 \pm 2,49$ cm) est assez similaire à celle de l'âne catalan (23cm) originaire d'Espagne (**FOLCH et al, 1997**), qui est une race d'âne autochtone de la catalogne, l'âne catalan est étroitement lié aux ânes marocain et Zamora-léonais (**SADAKA,2013**) et aussi proche à l'âne de Tunisie 22,76 cm (**AROUA et al,2020**) et inférieur a l'âne de Serbie ($26,4 \pm 3,1$) (**STANISIC et al, 2020**). Une longueur de tête ($49,70 \pm 5,28$ cm) est proche à celle de l'âne Sinnar d'Ethiopie 47,46 cm (**KEFENA,2011**) et à celle de la Kabylie ($48,5 \pm 3,3$) (**AYAD et al, 2019**) et supérieur à l'âne de Tunisie 37,2 cm (**AROUA et al,2020**), de l'est algérien ($40,79 \pm 4,65$) (**HANNANI et al,2020**) et avec celle de la Nigeria ($44,0 + 0,15$) (**KHALEEL et al, 2020**) .

Concernant la largeur aux hanches ($27,22 \pm 4$ cm) est inférieur à celle de l'âne Sinnar d'Ethiopie 32,86cm (**KEFENA,2011**).

Pour le tour de poitrine d'une valeur ($120,51 \pm 9,79$ cm) proche à l'âne de l'Egypte (122 ± 6 cm) (**MOSTAFA et al,2020**) et à l'âne de la Kabylie ($118,5 \pm 7,5$) (**AYAD et al, 2019**) et à celle de Serbie ($118,25 \pm 9,64$) (**DJOKOVIC et al, 2020**), légèrement inférieure à celle de la Tunisie ($125,09 \pm 9,9$ cm) (**AROUA et al, 2020**) et à celle de la Serbie ($137,4 \pm 7,5$) (**STANISIC et al, 2020**), et supérieur à l'âne Sinnar d'Ethiopie 117,69 cm (**KEFENA,2011**) à l'âne de l'est algérien ($114,94 \pm 6,78$)cm (**HANNANI et al, 2020**) et à celle de Nigeria ($113,2 \pm 0,41$)cm (**KHALEEL et al, 2020**). On retient que la population d'âne étudiée possède une cavité thoracique plus importante que celle de l'âne du Sénégal et Sahel du Burkina Faso sont de l'ordre respectif de ($108,9 \pm 7,1$ et $110,9 \pm 4,8$) cm (**ROAMBA,2014 ; KABORE, 2014**).

La hauteur au garrot d'une valeur ($108,96 \pm 9,19$) cm identique à celle de la Serbie ($109,75 \pm 11,34$)cm (**DJOKOVIC et al, 2020**) l'âne Sinnar d'Ethiopie (110 ± 12) cm (**KEFENA,2011**) et à celle de l'est algérien ($110,15 \pm 8,49$) cm (**HANNANI et al, 2020**) et à celle de la Kabylie ($106,9 \pm 5,4$) cm (**AYAD et al, 2019**), et légèrement inférieur à l'âne de Tunisie ($115,29 \pm 9,07$) cm (**AROUA et al,2020**) et l'âne de l'Egypte (115 ± 5) cm (**MOSTAFA et al,2020**). La taille de notre population est importante que celle du Sénégal ($98,2 \pm 4,2$) cm (**ROAMBA,2014**) et Nigeria ($102,4 \pm 0,21$) cm (**KHALEEL et al, 2020**) et Sahel du Burkina Faso ($100,2 \pm 3,3$) cm (**KABORE, 2014**).

Des indices zootechniques ont été utilisés pour décrire les caractéristiques structurelles, le type et les performances des animaux (**DJAOUT et al, 2018 ; EBANGI et VALL, 1998**). Dans notre étude, ils ont été calculés et analysés pour faire des classifications ethnologiques pour les ânes de l'ouest et du sud de l'Algérie. Les animaux sont minces et en surpoids. La masse corporelle était supérieure à leur taille (**MARIANTE et al, 2002**). Ces résultats suggèrent que la population est adaptée à la production de viande. Cela était conforme à la description de (**DEFEU et al, 2015**) et al pour les hauts plateaux des ânes du nord-ouest du Cameroun.

A la fin de notre enquête nous avons déduit que la population étudiée ne peut être comparée à une race bien déterminée car elle regroupe des paramètres morphologiques de différentes races issues d'autres pays.

II.2. Caractérisation qualitative

L'analyse des correspondances multiples (ACM) a montré une diversité phénotypique au sein de la population asine étudiée.

L'ACM nous a permis de noter que la couleur dominante (la majorité des individus 54,8 %) c'est la couleur marrone (la robe, la tête). Un museau noir et des membres d'une couleur blanche et des crins de couleur marron.

CARACTERISATION GENETIQUE

I. Qualité des ADN extraits

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

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

II. Résultats du génotypage par séquenceur automatique

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

Les données de génotypages sont représentées sous forme d'une matrice avec, en colonne, les marqueurs et, en ligne, les individus. Chaque marqueur est représenté par deux

formes génotypiques (homozygotes ou hétérozygotes) possédant une taille propre en paire de bases (Pb). Enfin, il faut noter que 7 individus ont été éliminés à cause de l'échec d'amplification de leur ADN et aucune information n'a pu être observée après l'analyse des fragments. La matrice finale des données a été récupérée dans un fichier Excel et contient 65 génotypes pour les 17 marqueurs microsatellites étudiés.

III. Analyse de la diversité génétique

III.1. Équilibre de Hardy Weinberg

Le test exact de déviation par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW) a été réalisé en utilisant le logiciel **Genepop** (RAYMOND et ROUSSET, 1995). L'écart à la panmixie de chaque population a été déterminé d'après la comparaison des valeurs de la probabilité non biaisées (P value) estimées en utilisant la méthode de chaîne de Markov (Guo et Thompson, 1992), ainsi, après une correction de Bonferroni (P-value inférieures à $\alpha = 0,0029$, cette correction consiste à diviser ($\alpha = 0,05$) par le nombre de populations analysés : dans ce cas les 8 populations étudiés).

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

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

III.1.1. Test d'excès d'hétérozygoties

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

III.1.2. Test de déficit en hétérozygoties

À l'échelle du test global, les résultats indiquent que 4 populations sur les 8 étudiées présentent un déficit en hétérozygoties (sidi belabbès, Aïn Témouchent, Tiaret et Tlemcen), dont les valeurs de P sont largement inférieures à α (0,05) et cela même après correction de Bonferroni $\alpha = 0,00625$. Les autres populations (naâma, el bayadh, Saïda et Adrar) ne présentent ni excès ni déficit en hétérozygotes en prenant en considération l'ensemble des 17 microsatellites. Elles sont donc les seules populations en équilibre pour les marqueurs analysés. Toutes Les populations (sidi belabbès, Aïn Témouchent, Tiaret et Tlemcen) détiennent le même nombre le plus élevé (1 seul locus) en matière de déficit en hétérozygotie, (**Tableau 26**). Ces résultats confirment ceux trouvés par **GAOUAR (2009)**, qui a expliqué ce phénomène de carence en hétérozygotie principalement par la subdivision des troupeaux en sous population (effet Wahlund) et l'effet père.

En analysant les résultats du test de déficit d'hétérozygote sur l'ensemble des populations pour chaque marqueur, nous observons que deux loci : LEX3 et HMS6, présentent un Écart significatif à l'équilibre de Hardy-Weinberg (**EHW**), pour le reste des marqueurs (15) AHT4, AHT5, ASB17, ASB2, ASB23, CA425, HMS1, HMS2, HMS3, HMS7, HTG10, HTG4, HTG6, HTG7, VHL20 les valeurs de P sont supérieures à $\alpha = 0,00625$ ce qui montre l'absence de déficit en hétérozygotie.

Ce déficit trouvé chez 2 loci sur 17 (environ 11 %), augmente probablement un risque génétique, en fait, les différentes régions du génome ne réagissant pas de la même manière face aux différentes forces évolutives, la proximité ou la liaison fonctionnelle d'un marqueur par rapport à une région importante du génome diminuerait sa probabilité à évoluer est donc sa variabilité génétique (Gaouar, 2009).

Tableau 26. Microsatellites en déséquilibre de Hardy-Weinberg ($p < 0,00625$) pour les huit populations étudiées. Les couleurs servent à identifier les mêmes marqueurs dans différentes populations

population	Marqueur à l'écart de HW	P-value ($\alpha = 0,00625$)	Total
Sidi Bel Abbès	LEX3	0,0007	1
Aïn Témouchent	HMS6	0,0004	1
Tiaret	HMS6	0,0041	1
Tlemcen	LEX3	0,0013	1

IV. Fiabilité des loci microsatellites

IV.1. Détection des allèles nuls

Les allèles nuls sont fréquemment rencontrés dans les études de génétique des populations naturelles, bien que fréquemment ignorées. Il est même probable que bon nombre de déficits en hétérozygoties soient en fait dus à ce type d'allèle (MEEUS, 2012). Les fréquences d'allèles nuls (p) détectées dans cette étude sont insignifiantes. En fait, p est inférieur à 0,35 (< 35 %) pour 100 % des 136 combinaisons locus \times population, avec une valeur maximale de $p=0,33$ enregistré avec le microsatellite (LEX3) (Annexe 3).

Habituellement, les fréquences d'allèles nuls (p) inférieures à 0,4 et $p(\text{calculé}) < 0,35$ sont considérées acceptables dans la plupart des séries de données de microsatellites (DAKIN et AVISE, 2004). Donc, nous avons conservé tous les loci pour les analyses de la diversité et la structure génétique des populations de notre étude.

IV.2 Déséquilibre de liaison

Ce paramètre de déséquilibre de liaison entre les loci explique l'indépendance de l'information apportée par chacun (SALEH, 2008). Dans cette présente étude, nous avons analysé le déséquilibre de liaison entre les paires de marqueurs à deux niveaux : à l'échelle des 8 populations étudiées et à l'échelle globale des populations (on considère toutes les populations comme une seule race).

Les résultats obtenus après une analyse du déséquilibre d'association (P inférieur à $\alpha = 0,05$) au niveau des 8 populations asines étudiées (Adrar, Sidi Bel Abbès, El Bayadh, Naâma, Saïda, Aïn Témouchent, Tiaret et Tlemcen) ont révélé un nombre de 653 cas de déséquilibre d'association parmi les 1088 combinaisons possibles entre les 17 microsatellites utilisés.

Toutes les wilayas d'étude (Adrar, Sidi Bel Abbès, El Bayadh, Naâma, Saïda, Aïn Témouchent, Tiaret et Tlemcen) présentent des individus avec déséquilibres de liaison (Annexe 4), la population qui présente le plus de locus en déséquilibre est la population de Tiaret, avec 116 cas de déséquilibre identifiés.

En absence de liaison physique entre ces microsatellites, ce résultat peut être expliqué par des relations fonctionnelles spécifiques à l'environnement, un comportement social

différent d'une race à une autre et/ou une consanguinité élevée (GAOUAR, 2009).

Environ 434 cas d'absence d'information ont été observés :91 pour la population d'Adrar, 45 pour la population de Sidi Bel Abbès ,136 pour la population de la wilaya d'Elbayadh, 31 pour la population de Naâma, 47 pour la population de Saïda, 31 pour la population d'Aïn Témouchent, 20 pour celle de Tiaret, 32 pour la population de Tlemcen. L'absence d'information pour ces combinaisons est due à des données manquantes au niveau du tableau de contingence.

Ce résultat peut être expliqué par un déséquilibre fonctionnel spécifique à l'espèce et/ou l'environnement n'a que peu ou pas d'influence.

IV.3. Polymorphisme des marqueurs microsatellites

Les paramètres de la variabilité des loci étudiés sont présentés dans le tableau 27. Un total de 108 allèles est obtenu pour les 17 microsatellites. Le nombre d'allèles varie de 3 (ASB17, HMS7, HTG4, HTG6, HTG7) à 11 (HMS2), avec une valeur moyenne de 6,35 (**Figure 26**). Le nombre d'allèles observés à un locus est une indication de sa variabilité génétique. Ainsi, selon Barker (1994) ce nombre doit être supérieur à 4 pour réduire l'erreur standard dans l'estimation des distances génétiques. Le nombre d'allèles efficaces (**Ae**) varie entre 1,032 (asb17) et 3,921 (hms6), avec une moyenne générale de 2,2909.

Le PIC est un indice idéal pour mesurer le polymorphisme des marqueurs. Selon **BOTSTEIN et al, (1980)**, un PIC supérieur à 0,50 indique un locus très informatif, un PIC compris entre 0,50 et 0,25 indique un locus moyennement informatif, et un PIC inférieur à 0,25 indique un locus peu informatif. Dans notre étude, toutes les valeurs de PIC se situent au-dessus de 0.50 avec une valeur maximale de 0,89 (HMS6) (**Tableau 27**). Généralement, les marqueurs utilisés dans cette étude sont très informatifs avec une valeur moyenne de 0,62 (PIC>50 %). Ceci est en concordance avec le nombre important des allèles observés par locus.

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

L'hétérozygotie moyenne observée à travers les 17 microsatellites étudiés est de 0.36 avec une valeur maximale enregistrée de 0.97 (HTG6) et l'hétérozygotie moyenne attendue est de l'ordre de 0.64 et 0,92 enregistrée comme une valeur maximale pour le locus HTG7 (Tableau 27).

Dans cette présente étude, les valeurs moyennes obtenues du nombre d'allèles, hétérozygoties observées (H_o) et hétérozygoties attendues (H_e) sont tous inférieurs que celles des études réalisées par (YATKIN *et al*, 2020) avec 17 microsatellites ; (ZENG *et al*, 2019) avec 25 microsatellites ; (BEHL *et al*, 2021) sur des études sur des populations indiennes des ânes dans des régions de ladakhi et spiti avec 20 et 12 microsatellites respectivement ; (AROUA *et al*, 2019) sur des populations tunisiennes avec 15 marqueurs microsatellites

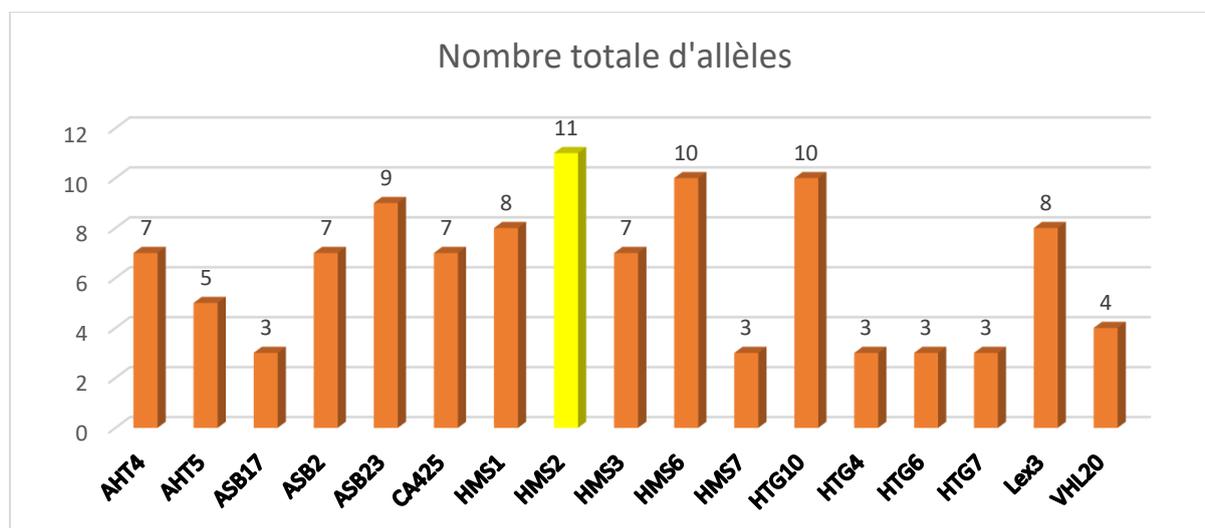


Figure 24. Nombre d'allèles mis en évidence pour chaque marqueur microsatellite dans les 8 populations asines étudiées.

Les F-statistiques de Wright (1968) F_{IS} , F_{ST} et F_{IT} ont permis de décrire le niveau statistiquement attendu d'hétérozygotie dans la population, ils ont été estimés pour chaque locus dans l'ensemble des populations étudiées. Le déficit d'hétérozygotie à l'intérieur des populations (F_{IS}) varie entre -0,074 pour ASB17 et 0,307 pour LEX3 avec une moyenne totale de -0,313 pour l'ensemble des loci. Tout le marqueur à l'exception du marqueur LEX3 ont présenté des valeurs de F_{IS} négatives ce qui signifie que, dans l'ensemble des populations, il y a eu plus d'hétérozygotes que prévu pour ces marqueurs.

La valeur F_{IT} représente le déficit global en hétérozygoties dans les populations. Le

tableau 27 montre les valeurs des paramétrés de F -statistiques obtenues pour l'ensemble des 8 populations asines étudiées et pour chaque microsatellite. Les valeurs de F_{IT} varient de $-0,012$ pour le marqueur ASB17 à $-0,801$ pour le marqueur HTG7, la valeur moyenne est de $-0,234$. La moyenne de l'indice de fixation de chaque population (F_{ST}) est de $0,07$, variant de $0,013$ pour HTG7 à $0,249$ pour LEX3 (**Tableau 27**).

Nous avons obtenu une valeur de F_{ST} égale à $0,07$ indiquant une différenciation génétique modérée entre les 8 populations asines étudiées. En effet, 7% de la variabilité totale est ainsi due à des différences entre les populations alors que les différences intra populationnelles expliquent 93% de la variabilité totale.

La valeur globale obtenue par D_{ST} décrivant la diversité entre les populations est de $0,537$, le coefficient de différenciation des gènes (G_{ST}) varie entre $0,030$ (ASB17) et $0,844$ (HMS6) et la diversité totale des gènes (H_T) de Nei varie entre $0,030$ (ASB17) et $0,831$ (HMS6) avec un moyen total de $0,528$ (**Tableau 27**). Ces résultats révèlent une faible diversité génétique entre les populations asines étudiées. En effet, les valeurs moyennes des valeurs de D_{ST} et G_{ST} enregistrés dans cette étude sont plus élevés par rapport aux valeurs reportés dans l'étude de la Turquie par (**YATKIN et al, 2020**) Sur l'ensemble des loci, la valeur moyenne de la différenciation des populations (G_{ST}) est égale à $0,539$ c'est-à-dire que la variation génétique totale chez la population asine locale algérienne est expliquée par $5,3\%$ entre les différentes populations, tandis que $94,7\%$ de cette variation est expliqué par la différence entre les individus.

RESULTATS ET DISCUSSION

Tableau 27. Valeurs des paramètres génétiques pour chaque locus choisi et chez toutes les races asines étudiées

loci	N	Allelic range, bp	Ra	Na	Ne	PIC	Ho	He	H ^o	Fis	Fit	Fst	Dst	Gst	Ht	Nm	HW	F(Null)
AHT4	130	146-160	2,657	7	3,053	0,787	0,3538	0,6462	0,6504	-0,069	0,032	0,094	0,726	0,728	0,712	2,406	***	-0,1353
AHT5	130	131-145	1,675	5	1,589	0,589	0,6308	0,3692	0,3365	-0,280	-0,176	0,081	0,369	0,371	0,361	2,824	***	-0,2375
ASB17	124	109-119	1,065	3	1,032	0,399	0,9677	0,0323	0,0277	-0,074	-0,012	0,058	0,030	0,030	0,030	4,062	***	-0,3237
ASB2	126	220-254	2,560	7	3,135	0,754	0,1905	0,8095	0,6712	-0,264	-0,211	0,042	0,707	0,705	0,722	5,721	***	-0,1416
ASB23	108	87-201	2,214	9	2,349	0,564	0,1481	0,8519	0,5667	-0,525	-0,461	0,042	0,596	0,595	0,598	5,693	***	-0,2532
CA425	122	232-244	2,267	7	2,380	0,613	0,1639	0,8361	0,5646	-0,504	-0,423	0,054	0,601	0,602	0,595	4,344	***	-0,2225
HMS1	126	18-190	2,185	8	2,281	0,618	0,1587	0,8413	0,5456	-0,577	-0,528	0,031	0,566	0,565	0,570	7,843	***	-0,2197
HMS2	128	217-239	2,614	11	3,066	0,724	0,2344	0,7656	0,6499	-0,214	-0,118	0,079	0,712	0,713	0,702	2,927	***	-0,1635
HMS3	130	150-168	2,074	7	2,084	0,603	0,2615	0,7385	0,5068	-0,439	-0,407	0,022	0,522	0,520	0,536	11,061	***	-0,2609
HMS6	108	68-172	3,110	10	3,921	0,885	0,5185	0,4815	0,7212	0,238	0,337	0,129	0,842	0,844	0,831	1,682	ND	-0,0584
HMS7	130	169-175	2,299	3	2,426	0,674	0,1846	0,8154	0,5818	-0,476	-0,395	0,055	0,620	0,620	0,613	4,294	***	-0,176
HTG10	130	86-106	2,409	10	2,548	0,637	0,1231	0,8769	0,5952	-0,400	-0,260	0,100	0,666	0,671	0,631	2,250	***	-0,2351
HTG4	130	127-139	1,898	3	1,937	0,524	0,2000	0,8000	0,4796	-0,733	-0,679	0,031	0,497	0,497	0,493	7,815	***	-0,2716
HTG6	130	80-96	1,062	3	1,037	0,397	0,9692	0,0308	0,0322	-0,078	-0,013	0,060	0,035	0,035	0,035	3,929	***	-0,3245
HTG7	130	125-129	1,951	3	2,055	0,458	0,0769	0,9231	0,5103	-0,824	-0,801	0,013	0,518	0,518	0,519	19,272	***	-0,3028
Lex3	126	146-166	2,326	8	2,098	0,775	0,6508	0,3492	0,4604	0,307	0,479	0,249	0,621	0,635	0,523	0,755	ND	-0,1154
VHL20	130	86-94	2,026	4	1,955	0,621	0,3692	0,6308	0,4818	-0,412	-0,343	0,049	0,510	0,510	0,511	4,889	***	-0,2313
moyenne	126		2,140	6,35	2,290	0,624	0,3648	0,6352	0,4931	-0,313	-0,234	0,070	0,537	0,539	0,528	5,398		

(**Na**) Nombre d'allèles, (**Ne**) Nombre efficace d'allèles, (**PIC**) Contenu de l'information polymorphe, (**Ho**) Hétérozygotie observée, (**He**) Hétérozygotie attendue, (**H^o**) Hétérozygotie moyenne, (**FIS, FIT, FST**) F-statistiques de Wright (Wright 1931; Weir et Cockerham. 1984) ; (**HT**) La diversité des gènes de Nei, (**DST**) La diversité entre races, (**Gst**) Coefficient de différenciation des gènes, (***Nm**) flux génétique estimé pour $Nm = 0,25 (1 - FST) / FST$ (Nei. 1987) par logiciel **Popgene** (Yeh et al, 1997)

V. Diversité intra populationnelle

La population asine algérienne a subi une diminution considérable ces dernières années, ce qui a fait que L'âne occupe actuellement une position importante en termes de biodiversité des animaux d'élevage.

L'identification des races asines est devenue une nécessité en Algérie. L'identification génétique à base moléculaire est un outil très important pour enregistrer et évaluer morphologiquement et phénotypiquement des races asines existant dans le territoire national et pour faire un standard afin de maintenir l'existence de cette richesse.

L'étude de la variabilité intra-race a été réalisée en utilisant les résultats du génotypage de 65 animaux appartenant aux 8 wilayas analysées avec les 17 microsatellites.

V.1. Diversité allélique

L'analyse de l'ensemble des fréquences alléliques pour chaque race donne une idée sur la variabilité génétique au sein de chacune d'entre elles, mais cette information reste trop vague et ne donne pas une idée précise sur la différenciation des races. L'analyse des autres indicateurs de la variabilité va révéler plus d'information sur leur diversité génétique intra-populations. Les paramètres de la diversité génétique au sein des populations sont présentés dans le **tableau 28**.

V.2. Nombre allélique

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

D'après les résultats obtenus pour les 8 populations étudiées, on remarque que le nombre d'allèles varie de 3 à 11 avec une moyenne de 6,35, le nombre moyen d'allèles par locus (MNA) est plus élevé chez la population de Tlemcen avec 3,94 suivis par la population de Tiaret avec 3,41, le plus faible nombre moyen d'allèles a été enregistré chez les populations d'Elbayadh et Saïda et Naâma avec 2,47 et 2,88 respectivement, ceci peut être expliqué par la taille des échantillons (**Tableau 28**) (**ANDRU,2012**).

V.3. Richesse allélique (R_a)

La richesse allélique a été calculée avec le logiciel **Fstat (GOUDET, 2001)** qui pondère le nombre d'allèles par rapport à la taille de l'échantillon et limite le biais dû à l'échantillonnage. Les valeurs de la richesse allélique sont comprises entre 1,062 et 3,110 pour toutes les populations étudiées. Dans notre étude la richesse allélique est de l'ordre de 2,14 pour l'ensemble des 8 populations étudiées, ce qui est relativement faible dans les études de caractérisation des races asine (**Tableau 28**).

V.4. Nombre efficace d'allèles (A_e)

Le nombre efficace d'allèles (A_e) est défini comme l'inverse de la probabilité que deux marqueurs, pris au hasard, présentent le même allèle (**ROGNON et VERRIER, 2007**). Le nombre d'allèles efficaces (A_e) pour la population asine algérienne est de 2,29. Il varie de 2,086 pour la race Aïn Témouchent à 2,601 pour la race de Tlemcen. Toutes les populations présentent des faibles taux d'allèles efficaces (**Tableau 28**). Ces populations possèdent une faible taille d'effectif qui requiert une mise en place rapide d'un programme de conservation génétique.

Tableau 28. Mesure de la diversité génétique de 8 populations asines Algériennes

Pop	MNa	Ho	He	Ae	NTA
Adrar	2,941	0,679	0,487	2,236	99
Sidi Bel Abbès	3,118	0,575	0,479	2,188	160
El Bayadh	2,471	0,765	0,485	2,349	34
Naâma	2,882	0,722	0,496	2,239	101
Saïda	2,882	0,615	0,486	2,325	114
Aïn Témouchent	3,353	0,641	0,464	2,086	180
Tiaret	3,412	0,633	0,509	2,303	148
Tlemcen	3,941	0,609	0,537	2,601	233
Moyenne	3,125	0,655	0,493	2,291	133,625

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

V.5. Allèles privés

Les allèles privés sont une source de diversité génétique (**PETIT et al, 1998**). Un total de 36 allèles privés a été observé pour l'ensemble des populations étudiées (**Tableau 29**), dont 9 sont spécifiques à la population du Tlemcen, 7 et 6 pour la population de Tiaret et Saïda respectivement. Le reste des populations partage entre eux 14 allèles privés, toutes les populations étudiées sauf la population d'Adrar présentent au moins un allèle privé.

La majorité de ces allèles privés sont exprimés par de faibles fréquences, dont la fréquence maximale est de l'ordre de **16,7 %** pour l'allèle 189 (ASB23) chez la population de naâma, la faiblesse de ces fréquences indique une faible contribution de ces allèles à la variation génétique. Par ailleurs l'existence de nombreux allèles privés dans une population démontre son originalité (**FOTSA, 2008**). La majorité des marqueurs génétiques utilisés dans cette étude présentent au moins un allèle privé (**Tableau 29**), les microsatellites (AHT4, HMS7, HTG 4, HTG7, VHL20) sont dépourvus d'allèles privés. Par contre il existe d'autres marqueurs microsatellites avec 5 allèles privé (par exemple le marqueur (ASB23)).

Tableau 29. Allèles privés pour chaque locus et chaque population

Locus	Adrar	Sidi Bel Abbès	Naâma	Saïda	Aïn Témouchent	Tiaret	Tlemcen	El Bayadh	Total
AHT4									0
AHT5							145 (3,6%)		1
ASB17			119 (8,3%)				109 (3,6%)		2
ASB2				222 (7,1%)	238 (4,5%)	220 (6,3%)			3
ASB23			189 (16,7%)	87 (7,1%)	199 (10%)	191 (14,3%)	195 (4,5%)		5
							201 (4,5%)		1
CA425					242 (5%)	244 (5,6%)	234 (3,6%)		3
HMS1		18 (5%)				186 (5,6%)	82 (3,6%)		3
						190	184		2

RESULTATS ET DISCUSSION

						(11,1%)	(3,6%)		
HMS2	235 (8,3%)			221 (14,3%)		217 (11,1%)	223 (7,1%)		4
HMS3	160 (8,3%)	168 (10%)	158 (8,3%)						3
HMS6				68 (8,3%)	166 (5%)				2
				172 (16,7%)					1
HMS7									0
HTG1 0				104 (7,1%)	91 (4,5%)		102 (3,6%)		3
HTG4									0
HTG6			96 (10%)			92 (5,6%)			2
HTG7									0
Lex3		152 (10%)							1
VHL2 0									0
Total	2	3	4	6	5	7	9	0	36

V.6. L'hétérozygotie observée et attendue

Le **tableau 30** résume les différents taux d'hétérozygotie observé (Hobs), attendu (He) et non biaisé (Hnb) calculés grâce au logiciel **GenALEx 6.5 (PEAKALL et SMOUSE 2006, 2012)** pour les 17 microsatellites analysés. En raison du faible nombre d'échantillons représentant certaines populations étudiées (par exemple 2 pour la population d'Adrar), il est préférable de considérer l'hétérozygotie attendue non biaisée. En effet, puisque les taux d'hétérozygotie observé et théorique varient selon le nombre d'allèles détectés, ils peuvent être sous-évalués si l'échantillonnage est trop faible.

Le plus faible taux d'hétérozygotie non biaisé enregistré est évidemment celui des

populations à faibles effectifs, il s'agit des populations de Aïn Témouchent (0,487), Sidi Bel Abbès (0,507) et Saïda (0,526), tandis que le taux le plus important est celui de la population el bayadh (0,647) suivi par la population de Tlemcen (0,558) qui présente les plus importants taux de diversité génétique, parmi les 8 races étudiées, pour les 17 marqueurs analysés. (**Tableau 30**).

On remarque que ces taux sont beaucoup influencés par le nombre total d'allèles que possède chaque population, puisque celles qui présentent le plus faible taux d'hétérozygotie sont celles qui présentent le moins d'allèles, mais cette influence n'est pas proportionnelle puisque les contextes zootechniques et environnementaux ne sont pas les mêmes : effet père, déséquilibre d'association, sélection et la consanguinité (**Tableau 30**).

Nous constatons que l'hétérozygotie observée est supérieure à l'hétérozygotie attendue non biaisée pour la population asine algérienne totale et pour chaque population étudiée avec des valeurs comprises entre 0,575 (Sidi Bel Abbès) et 0,765 (El Bayadh). Le taux d'hétérozygotie attendu non biaisé moyen est égal à (0,543 ±0,021), ce qui montre que dans l'ensemble, les populations étudiées présentent une diversité génétique importante en considérant les résultats obtenus pour les 17 microsatellites étudiés. En effet, l'hétérozygotie moyenne des 8 populations asines locales algériennes semble nettement plus élevée que celle rapportée dans la littérature, par exemple, 0,57 chez la population de la chine (**ZENG et al, 2019**) ; égale au valeur de la Turquie 0,65 par (**YATKIN et al, 2020**); inférieur aux valeur rapportées dans des études des races Spiti et ladakhi de l'inde (0,72 et 0,76 respectivement) (**BEHL et al, 2021**) , aussi à la population tunisienne (0,74) (**AROUA et al, 2019**)

Tableau 30. Hétérozygoties attendues, observées et non biaisées avec erreur standard pour chaque population asine sur l'ensemble des 17 microsatellites étudiés.

populations	Hétérozygotie moyenne		
	Ho ±SE	He ±SE	Hnb ±SE
Adrar	0,679±0,07	0,487±0,05	0,534±0,05
Sidi Bel Abbès	0,575±0,07	0,479±0,05	0,507±0,05
El Bayadh	0,765±0,09	0,485±0,06	0,647±0,08
Naâma	0,722±0,07	0,496±0,04	0,542±0,05
Saïda	0,615±0,08	0,486±0,05	0,526±0,05
Aïn Témouchent	0,641±0,07	0,464±0,04	0,487±0,05
Tiaret	0,633±0,07	0,509±0,04	0,541±0,05

RESULTATS ET DISCUSSION

Tlemcen	0,609±0,07	0,537±0,05	0,558±0,05
Moyenne	0,655±0,02	0,493±0,01	0,543±0,02

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

VI. Diversité inter populationnelle

VI.1. Paramètres de différenciation des populations

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

VI.1.1. Indice de fixation FIS

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

- À un régime de reproduction hétérogame (entre individus différents) ou
- À une sélection des hétérozygoties au locus considéré

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

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

Dans notre étude, les valeurs moyennes de F_{IS} calculées pour l'ensemble des loci par population (**Tableau 31**), variant de -1,000 pour la population d'Adrar à 0,14 pour la même

RESULTATS ET DISCUSSION

population avec une moyenne de -0,308. Plusieurs facteurs peuvent contribuer à une hétérozygotie plus faible que prévu et donc un déficit en hétérozygotie dans une population, dont le plus répondu est la consanguinité (accouplement entre un individu et ses ascendants, ses collatéraux et/ou ses descendants) qui modifie les fréquences génotypiques et le déficit aurait une incidence sur l'ensemble des loci (**HODA et MARSAN,2012**).

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

Tableau 31. Valeurs des FIS par locus et par population

	Adrar	Sidi Bel Abbès	El Bayadh	Naâma	Saïda	Aïn Témouchent	Tiaret	Tlemcen	moyenne
AHT4	0,412	0,031	0,000	-0,351	-0,108	-0,311	0,169	0,292	0,02
AHT5	-0,154	-0,143	-0,333	0,000	-0,043	-0,096	-0,231	-0,072	- 0,13
ASB17	NA	NA	NA	0,000	NA	NA	NA	0,000	-
ASB2	-0,579	0,182	0,000	-0,277	-0,125	-0,351	-0,037	-0,143	-0,17
ASB23	-0,600	-1,000	-0,333	-0,250	-0,364	-0,333	-0,333	-0,449	- 0,46
CA425	-0,290	-0,448	-0,333	-1,000	-0,667	-0,358	-0,255	-0,243	- 0,45
HMS1	-1,000	-0,309	-1,000	-0,471	-0,667	-0,385	-0,255	-0,402	- 0,56
HMS2	-0,282	-0,051	0,000	-0,250	0,048	-0,653	0,158	0,010	- 0,13
HMS3	-0,351	-0,371	0,000	-0,538	-0,333	-0,346	-0,400	-0,390	- 0,34
HMS6	0,182	0,556	-1,000	0,294	0,455	0,628	0,543	0,368	0,25
HMS7	-0,389	-0,558	-0,333	-1,000	-0,263	-0,552	-0,455	0,148	- 0,43
HTG10	-0,471	-0,400	0,500	-0,538	-0,412	-0,528	-0,383	-0,358	- 0,32
HTG4	-1,000	-0,286	-1,000	-0,429	-0,714	-0,818	-0,800	-0,453	- 0,69
HTG6	NA	NA	NA	0,000	NA	NA	0,000	NA	-
HTG7	-1,000	-0,500	-1,000	-0,714	-0,714	-0,719	-0,778	-1,000	- 0,80
Lex3	0,333	0,614	NA	-0,111	1,000	-0,139	-0,131	0,749	0,33
VHL20	-0,212	-0,385	-1,000	-0,429	-0,714	-0,429	0,072	0,088	- 0,38
Moyenne	-0,308	-0,144	-0,300	-0,376	-0,186	-0,337	-0,184	-0,096	- 0,24

VI.1.2. Indice de différenciation FST

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 importante différenciation génétique
- L'intervalle $F_{ST} > 0,25$: indique une très importante différenciation génétique

Le **tableau 32** donne les valeurs de F_{ST} entre les différentes populations asines étudiées, il existe une faible différenciation entre les 8 populations asines étudiées. En effet, toutes les valeurs F_{ST} sont comprises entre 0,017 et 0,088. La plus grande valeur de F_{ST} (0,088) a été observée entre les deux paires de populations, El Bayadh avec Sidi Bel Abbès. Par contre, la valeur minimale de F_{ST} (0,017) est enregistrée entre les populations de Tlemcen et Saïda, elle indique une absence de divergences génétiques entre ces deux populations.

D'une manière générale, les valeurs de F_{ST} obtenues ont divisé la population asine algérienne en deux groupes. Le premier regroupe les populations du Nord-ouest algérien à savoir Sidi Belabbès, Aïn Témouchent, Saïda, Tiaret et Tlemcen et le deuxième rassemble majoritairement les races du Sud-ouest algérien (Sahara), il s'agit des races Adrar, naâma et El Bayadh. En effet, ces résultats restent préliminaires et demande d'autres études.

Tableau 32. Valeurs de F_{ST} entre les paires de 8 populations

	Adrar	Sidi Bel Abbès	El Bayadh	Naâma	Saïda	Aïn Témouchent	Tiaret	Tlemcen
Adrar	-							
Sidi Bel Abbès	0,035	-						
El Bayadh	0,059	0,088	-					
Naâma	0,051	0,030	0,101	-				

RESULTATS ET DISCUSSION

Saïda	0,027	0,025	0,068	0,032	-			
Aïn Témouchent	0,042	0,028	0,104	0,018	0,030	-		
Tiaret	0,030	0,026	0,082	0,028	0,031	0,023	-	
Tlemcen	0,020	0,026	0,061	0,033	0,017	0,032	0,025	-

VI.1.3. Flux des gènes

Le flux de gènes (Nm) entre les paires des populations étudiées présente des valeurs trop importantes (**999999,00**) entre les populations (El Bayadh /Sidi Bel Abbès), (Saïda /Sidi Bel Abbès), (Saïda/ Adrar), (Aïn Témouchent et Tiaret / Naâma) et (Tlemcen /Adrar, El Bayadh et Saïda) suivit la population de Tiaret et la population de Sidi Bel Abbès (**315,46**). La valeur de Nm (**1,70**) la plus faible est enregistrée entre la population de Aïn Témouchent et la population d'El Bayadh (**Tableau 33**). En général, les résultats obtenus pour le flux de gène entre les races asines étudiées sont très faibles ($10,60 \pm 2,94$), donc, il y a un équilibre d'échange entre les populations asines, ceci est dû principalement à l'homogénéisation des populations suit au non-respect des berceaux.

Tableau 33. Flux des gènes entre les paires des 8 populations asines

Populations	Sidi Bel Abbès	El Bayadh	Naâma	Saïda	Aïn Témouchen	Tiaret	Tlemcen
Adrar	18,89	999999,00	5,21	999999,00	5,54	37,89	999999,00
Sidi Bel Abbès	-	4,03	44,44	999999,00	12,47	315,46	21,68
El Bayadh		-	2,06	190,86	1,70	4,82	999999,00
Naâma			-	42,51	999999,00	999999,00	14,39
Saïda				-	12,34	28,22	999999,00
Aïn Témouchent					-	50,02	7,39
Tiaret						-	26,29
Tlemcen							-

VI.2. Distances génétiques et établissement des relations phylogéniques

VI.2.1. Distances génétiques et corrélation

Les fréquences alléliques, obtenues pour les 17 microsatellites, nous ont permis

de calculer deux types de distances : la distance de **Nei (Da) (1983)** et celle de **Reynolds (1983)** avec le logiciel **population (FELSENSTEIN, 1993)**. Ces deux distances sont fondées sur des théories évolutives différentes : un modèle mutation-dérive pour la distance standard de Nei et la dérive génétique seule pour la distance de Reynolds. Les résultats des deux distances sont représentés dans le tableau 34. Cette matrice de distances nous a permis ensuite de construire des arbres phylogénétiques.

Le calcul de la distance génétique de Nei ou celle de Reynolds montre que la valeur la plus faible est trouvée entre la race Naâma et la race Aïn Témouchent (**Tableau 34**), tandis que la race Elbayadh montre une grande distance génétique avec la race d'Aïn Aïn Témouchent par l'utilisation de la distance Reynolds (0,087) et la race Elbayadh avec la population de Naâma par l'utilisation de la distance de Nei (0,274).

Tableau 34. Distances génétiques entre les 8 populations asines étudiées : distance de Reynold au-dessus de la diagonale et la distance standard de Nei ci-dessous en diagonale.

Populations	Adrar	Sidi Bel Abbès	El Bayadh	Naâma	Saïda	Aïn Témouchent	Tiaret	Tlemcen
Adrar	-	0,005	-0,060	0,021	- 0,024	0,027	- 0,006	- 0,021
Sidi Bel Abbès	0,073	-	0,035	- 0,006	- 0,010	0,013	- 0,004	0,010
El Bayadh	0,125	0,208	-	0,049	-0,036	0,087	0,018	- 0,029
Naâma	0,116	0,063	0,274	-	- 0,014	0,036	- 0,018	0,008
Saïda	0,057	0,052	0,143	0,069	-	0,006	- 0,000	- 0,018
Aïn Témouchent	0,091	0,058	0,262	0,028	0,063	-	- 0,007	0,027
Tiaret	0,070	0,051	0,209	0,057	0,069	0,043	-	0,005
Tlemcen	0,044	0,057	0,141	0,080	0,039	0,072	0,060	-

Le résultat obtenu après une mesure de corrélation entre matrices de distances génétiques montre qu'il existe une corrélation positive entre les deux distances génétiques utilisées (distance standard de Nei et celle de Reynolds) basées sur deux hypothèses évolutives différentes. Le test de Mantel a été réalisé à l'aide du logiciel **XLSTAT 2022 (Figure 25)**. Le test de permutation a donc été proposé pour permettre de déterminer si le coefficient de corrélation peut être considéré comme significativement différent de zéro. L'hypothèse nulle

(H₀) signifie que les matrices ne sont pas corrélées par contre l'hypothèse alternative (H_a) signifie que les matrices sont corrélées.

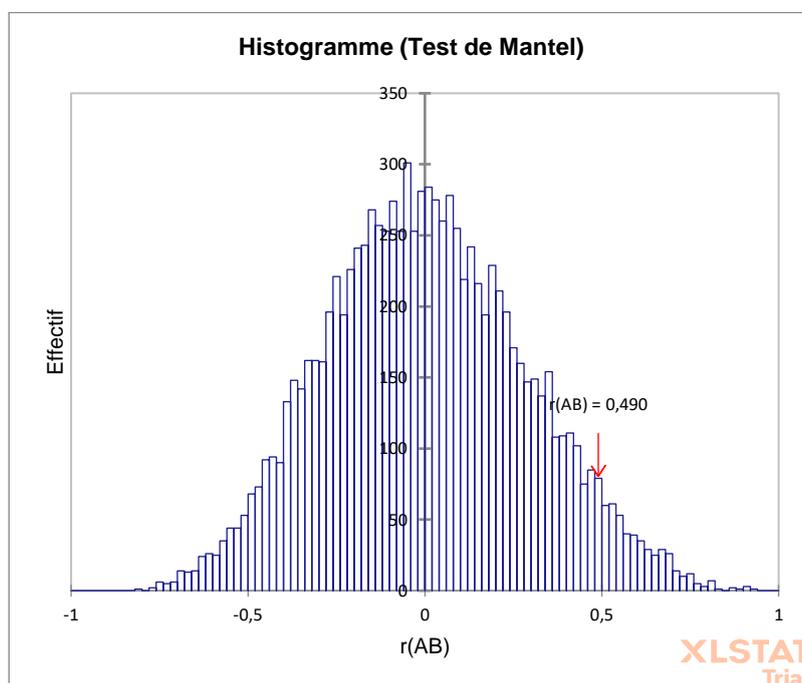


Figure 25 .Histogramme du test de Mantel

Étant donné que la p-value calculée (0,951) est supérieur au niveau de signification $\alpha = 0,05$, on doit accepter l'hypothèse nulle **H₀**, et rejeter l'hypothèse alternative **H_a**. Autrement dit nous admettons qu'il n'existe pas un lien entre la distance de Nei (D_a) et celle de Reynolds dans notre étude avec un coefficient de Pearson de **r(AB) = 0,490 = 49 %**

VI.2.2. Arbres phylogénétiques (dendrogramme).

Un arbre phylogénétique a été construite à partir des résultats obtenus pour les deux types de distances : distance génétique du Nei (1972) et Distance génétique de Reynolds (1983) (**Figure 26**), en utilisant respectivement la méthode de classification automatique « UPGMA » par les logiciels **Figtree (TAMURA et al, 2013)** et **Dendroscope (HUSON et SCORNAVACCA, 2012)**. Les valeurs de Bootstrap indiquées à chaque nœud révèlent le pourcentage d'apparition de ce dernier parmi 1000 rééchantillonnages.

Selon le dendrogramme construit par la méthode UPGMA, nous avons constaté que le résultat des deux arbres subdivise la population asine locale en trois groupes distincts :

- **Groupe 1** : il regroupe 4 populations au total : Adrar, Elbayadh, Saïda, Tlemcen les résultats obtenus ici sont expliquées par le flux migratoire des populations asines qui ont été exportés des régions de sud vers les marchés du Nord ouest spécialement au Tlemcen, laquelle était connue pour son grand mouvement de contrebande de carburant, d'autant plus que la majorité des zones d'échantillonnage provenaient des communes de l'extrême ouest comme Maghnia et ses environs.
- **Groupe 2** : dans ce groupe on remarque une proximité génétique des populations d'Ain Aïn Témouchent et Naâma et celle du Tiaret, ceci est expliqué aussi par un flux migratoire organisé par l'état dans le but de ramasser les ânes errants et de les relâcher au niveau des environs de Naâma pour coloniser ces zones et en faire des ânes sauvages pour préserver cette espèce.
- **Groupe 3** : C'est un groupe très isolé et contient que la population de Sidi Bel Abbès généralement les résultats obtenus lors de notre étude concernant ce dendrogramme sont dus à la faible taille d'effectif ou bien les populations échantillonnées sont inconnues sur le plan des performances zootechniques

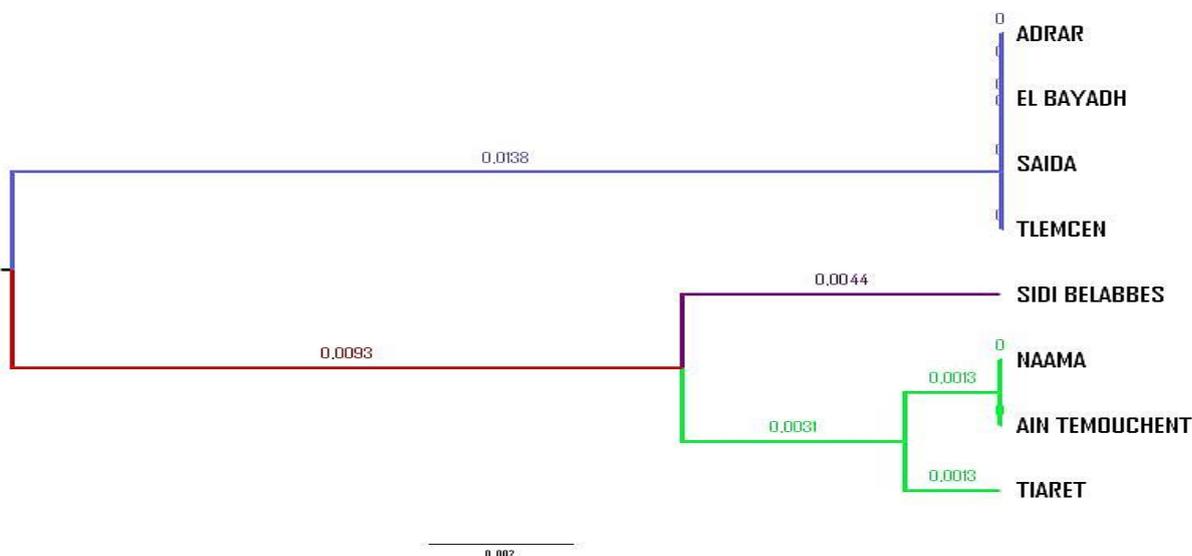


Figure 26. Dendrogramme basé sur les distances génétiques de Nei (D_n) entre 8 populations asines (méthodologie de rééchantillonnage Bootstrap (1000 répétitions)), par l'approche « UPGMA ».

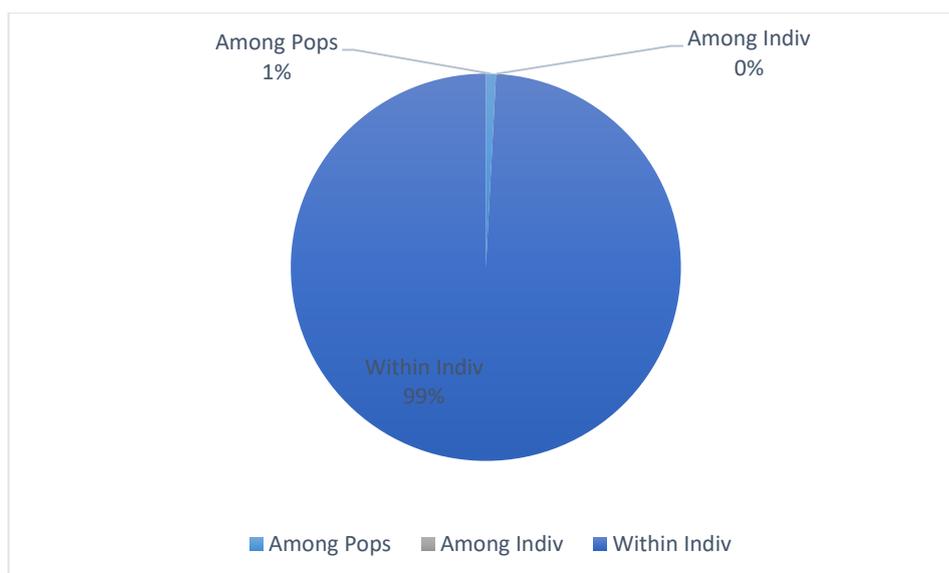


Figure 27. Pourcentages de la variabilité moléculaire chez la population asine algérienne

La hiérarchisation de la diversité globale de l'ensemble des populations asine de la présente étude a été réalisée par l'AMOVA avec le logiciel **GenALEX 6.5 (PEAKALL et SMOUSE 2006, 2012)** **Figure 27**. Le résultat a montré que le pourcentage de variation entre les populations obtenues est de 1 % et entre les individus au sein de ces groupes il est de 0 %, par contre la grande variation est enregistrée au sein des individus, elle est de 99 %. Ce résultat signifie que la diversité globale est due principalement à la diversité entre les individus au sein des populations.

VI.3. Résultat d'analyse factorielle des correspondances (AFC)

Les relations génétiques entre les 8 populations étudiées à partir d'analyses factorielles des correspondances (AFC) sont présentées en **figure 39**. Dans notre étude, deux AFC sont réalisés afin de mieux exploiter les données :

- **Premier AFC** : il a été réalisé en prenant comme élément de base l'ensemble des 8 populations étudiées **Figure (28.A)**
- **Deuxième AFC** : il a été réalisé en prenant comme élément de base les 65 individus étudiés **Figure (28.B)** :

Le résultat de l'AFC est présenté au niveau de la **figure 28**. Au total, 58,39 % de la variabilité peut être expliquée par les trois premiers axes avec respectivement : 26,07 % (premier axe), 17,14 % (deuxième axe 2) et 15,18 % (troisième axe) de la variabilité totale.

La première analyse des résultats obtenus après un AFC sur les deux niveaux, nous a permis de séparer la population asine en 3 groupes distincts (**figure 28.A**), mais uniquement dans le cas de l'AFC réalisé sur les 8 populations étudiées. Cependant, il est difficile de distinguer entre les populations dans le cas de la distribution individuelle d'AFC (**Figure 28.B**), ce niveau de mélange reflète probablement la situation du terrain où aucune notion de race n'est respectée par les éleveurs (croisement incontrôlé, non-respect des berceaux,). (**Figure 28.B**).

En général, les résultats obtenus par l'analyse factorielle des correspondances (AFC) sont similaires à ceux donnés par le dendrogramme, dont lequel les populations sont divisées en trois groupes : *Le premier groupe* est constitué de 3 populations : Tiaret, Aïn Témouchent, Naâma, ce regroupement témoigne de la relation génétique très étroite entre ces populations. *Le deuxième groupe* est constitué par quatre populations : Tlemcen, Adrar, Saïda et Sidi Bel Abbès, suivie par une seule population (El Bayadh) qui forme *le troisième groupe*.

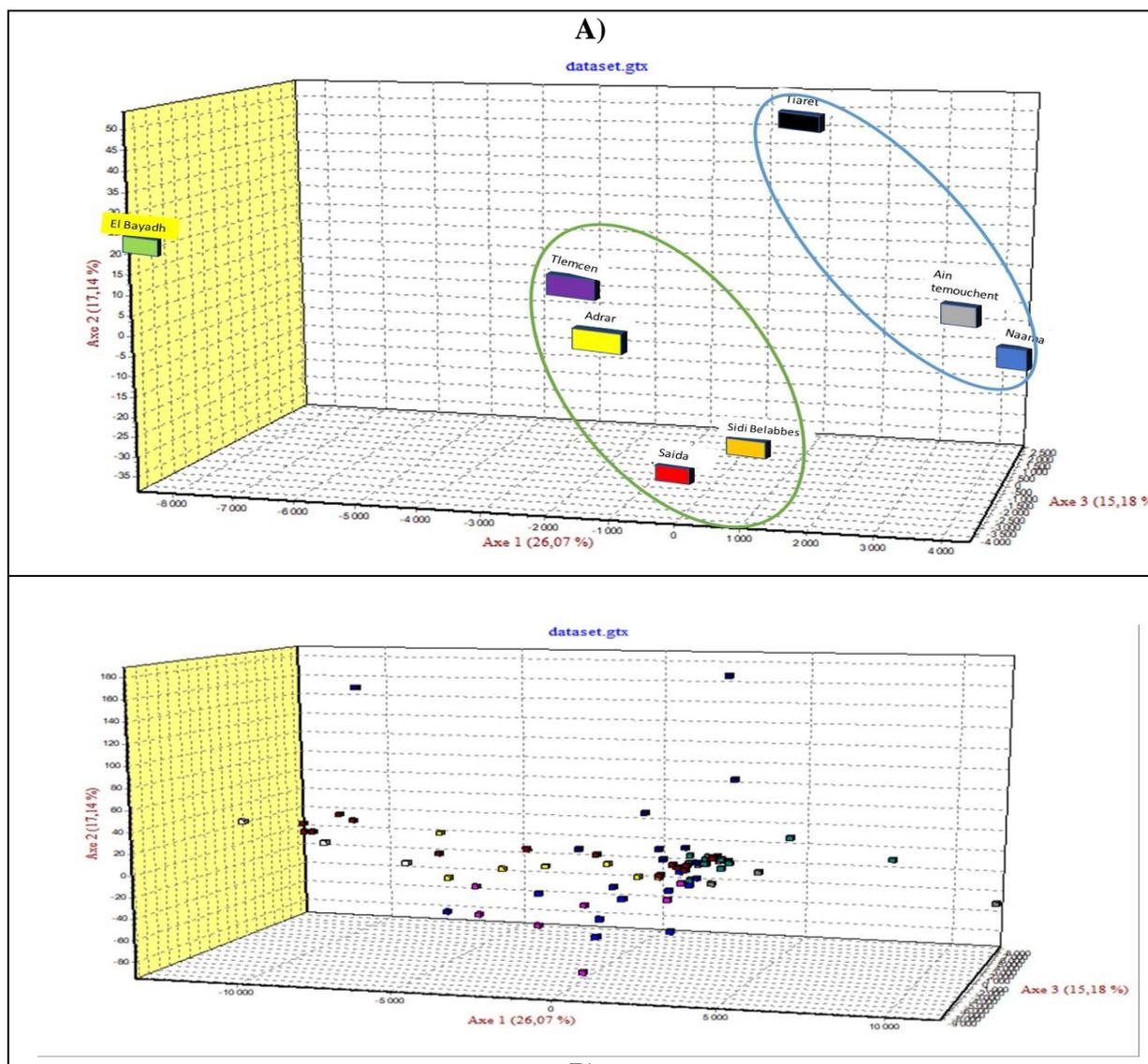


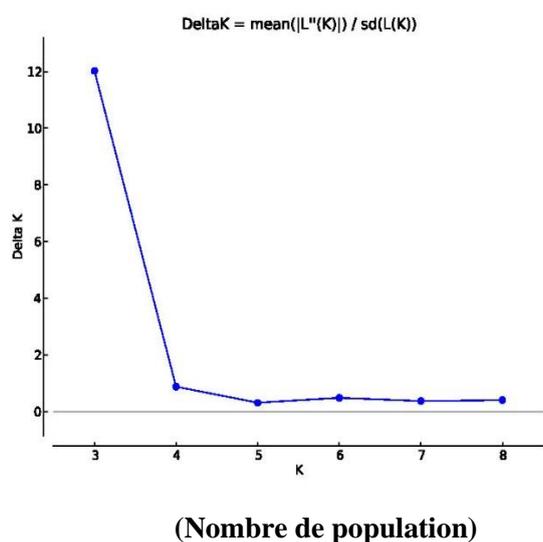
Figure 28. Représentation par AFC dans l'espace de 3 -dimensions des échantillons des 8 populations asines étudiées. A) Sur l'ensemble de 8 populations. B) Sur l'ensemble de 65 individus

VI.4. Assignment des individus à des populations génétiques et clustering

VI.4.1. Assignment des individus par le logiciel Structure

La structure génétique des 8 populations asines a été étudiée en utilisant le logiciel **Structure**, dont l'analyse a été effectuée avec une combustion de 20 000 de longueur, suivie d'un test de chaîne de Markov avec 100 000 itérations de Monte-Carlo pour chacun des K allant de 2-9, avec 20 répliques pour chaque K, et ce en utilisant des fréquences d'allèles indépendants et un modèle de mélange. Ce logiciel structure nous a permis d'identifier le degré de mélange entre nos populations asines, de sorte qu'il nous donne une idée claire sur la situation génétique de notre cheptel.

La **figure 29** montre les variations de la valeur de $\Delta(K)$ selon les valeurs de K (nombre des populations étudiées) avec la méthode d'Evano en utilisant le logiciel **Structure Harvester** (EARL et VONHOLDT, 2012). Nous remarquons que les valeurs de $\Delta(K)$ augmentent de $K = 2$ à $K = 3$ pour atteindre une valeur maximale ($\Delta K = 12,025$) puis elles diminuent rapidement à $K=4$ avec une valeur de $\Delta(K) = 0,876$ (Tableau 35). Après cela, nous observons une faible fluctuation dans les valeurs de $\Delta(K)$ reste très faible à ce qui a enregistré au niveau de la valeur $K=3$ donc, cette valeur de ΔK est considérée comme la meilleure valeur de K , ce qui signifie que notre population locale asine avec 8 populations est regroupée en **trois clusters** (Figure 30).



K	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	Delta K
2	- 2 037,760	1,555	—
3	- 1 977,000	10,544	12,025
4	- 2 043,030	18,577	0,876
5	- 2 092,795	38,008	0,311
6	- 2 130,725	42,272	0,482
7	- 2 148,265	45,692	0,370
8	-2 182,700	70,739	0,400
9	- 2 188,820	51,518	—

Figure 29. Détermination de la valeur de K la plus vraisemblable selon la méthode EVANNO et al, (2005). La variation de second ordre du log-likelihood K (ΔK)

Tableau 35. Estimation postérieure de la probabilité $[Ln Pr (X|K)]$ pour différents nombres de groupes inférés (K) et ΔK statistique.

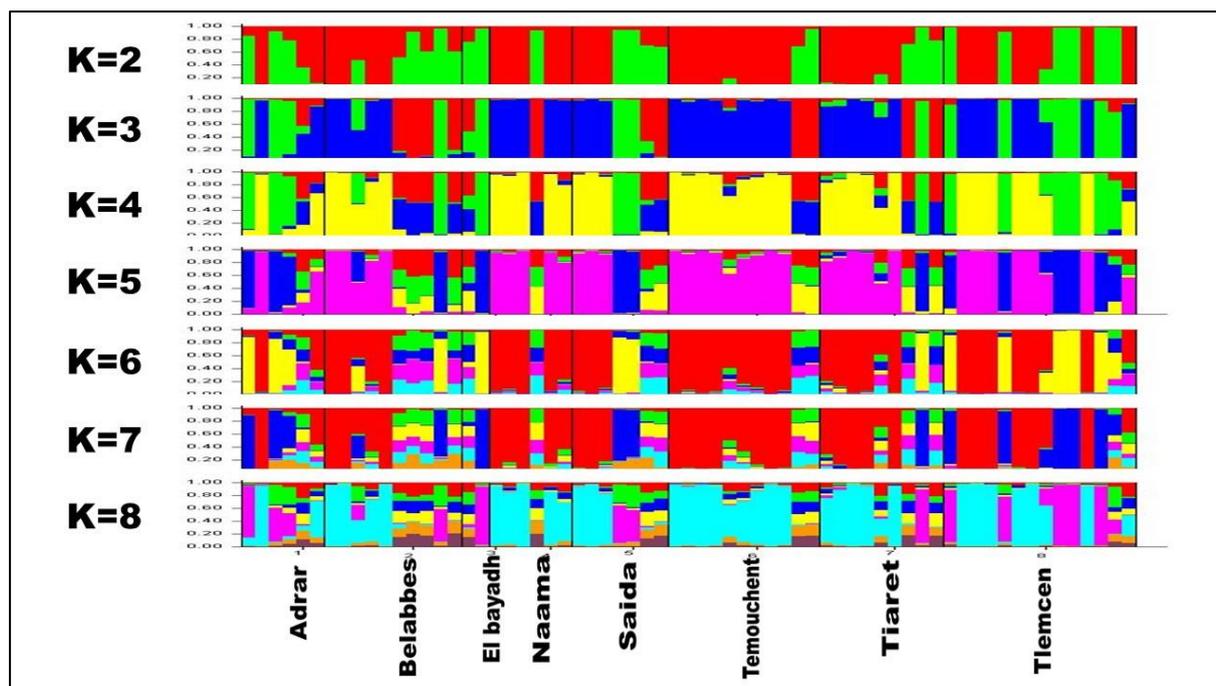


Figure 30. Estimation de la structure de la population avec des valeurs K différentes (K = 2 à 8).

La figure 30 montre qu'à partir de la valeur de $K=2$, un premier cluster s'identifie avec une première séparation des deux populations Aïn Témouchent et El Bayadh avec quelques animaux appartenant différentes populations. Ensuite, une deuxième séparation, elle a eu lieu à $K=3$. Ce deuxième cluster est le résultat d'un isolement de la population Naâma et la population Tiaret avec le reste des individus des autres populations. Les autres populations forment ensemble un mélange, À partir de $K = 4$, aucun cluster ne s'identifie, toutes les 8 populations montrent un mélange entre elles jusqu'à la dernière valeur de $K=8$.

À l'échelle individuelle, l'analyse bayésienne montre qu'il existe des niveaux variables de mélange entre les 8 populations d'étude, il était très difficile de faire une différenciation entre les individus de ces populations. En fait, cette situation reflète exactement ce qui s'est passé au cours de ces dernières années. Le cheptel asine en Algérie connaît progressivement une dégradation inquiétante sur le plan de diversité génétique. Parce que au cours de la période connue pour la contrebande de carburants à travers la frontière algéro-marocaine, les individus ont connu un déplacement important, en particulier des wilayas du sud et des hauts plateaux vers les wilayas de l'ouest spécifiquement dans des zones frontalière occidentales, en particulier Tlemcen et Maghnia, mais après la fermeture des frontières et le resserrement de l'étau ces ânes ont été transférés et relâchés dans les zones considérés comme des portes du Sahara, tel que la

wilaya de naâma qui a son tour a conduit à ce mélange d'individus et la difficulté de déterminer à quelle population ils appartiennent , et Cela est soutenu par notre présente étude qui montre bien que la majeure partie de la variabilité au niveau de notre population asine algérienne réside au niveau individuel et n'ont pas au niveau racial (voir l'analyse AMOVA).

VI.4.2. Méthodes d'affectation des individus à une population

L'affectation des animaux aux 8 populations étudiées ont été réalisée en utilisant les résultats du génotypage pour les 17 microsatellites utilisés (**Annexe 6**). Les résultats de cette affectation ont été obtenus à l'aide du logiciel **GeneClass2 (PIRY et al,2004)**. Nous avons remarqué que les animaux ont été affectés à 100 % à leur population d'origine à cause du nombre important de marqueurs utilisés. Les résultats sont présentés par région ou population :

Adrar : 2 individus (a1 et a6) de la population d'Adrar sont affectés principalement à Tlemcen, et Aïn Témouchent avec des pourcentages qui sont : 100% et 91% respectivement, les animaux ont 2 et a5 sont affectés aux populations de naâma avec des pourcentages de 35 % et 58 % respectivement, ces animaux sont aussi affectés aux populations de Tlemcen, Saïda, Aïn Témouchent, et Tiaret avec des pourcentages qui ne dépassent pas les 30 % .

Les individus a3 et a 4 sont affectés au Tlemcen avec des pourcentages 50% et 61 % respectivement, et à Saïda avec des pourcentages 48% et 35 % respectivement ce qui est moyen, mais ils sont affectés aux autres populations tel que : el bayadh, Sidi Bel Abbès et Adrar avec des pourcentages qui ne dépassent pas les 1%.

Sidi Bel Abbès : 3 individus de 8 sont affectés à cette population avec un maximum pourcentage de 91%, et a d'autres régions (Tiaret, Tlemcen, Aïn Témouchent, Naâma et Saïda avec des pourcentages qui n'excède pas les 17 %.

Les individus (bel1, bel2, bel3, bel5, bel6, bel 7, bel8) sont affectés principalement aux différentes wilayas tel que : Aïn Témouchent avec un pourcentage de 89 % et 53% pour les individus b2 et b5 respectivement, Saïda avec un pourcentage de 94% pour l'animal b3, Tlemcen avec un pourcentage moyen (46%), Adrar avec un pourcentage de 53 % et 45 % pour les individus b8et b9 respectivement.

El Bayadh : ces deux animaux (bh 1 et bh2) sont affectés à la région de Tlemcen avec des pourcentages 66% et 88% respectivement.

Pour les autres régions tel que : Saïda, Adrar, Sidi Bel Abbès et Tiaret ; notre population note une faible affectation avec un maximum de 21%.

Naâma : un seul individu (N6) est affecté à cette population avec un pourcentage de 61 %, et à Aïn Témouchent a un pourcentage de 30 % et a d'autres régions (Tiaret, Tlemcen et Saïda) avec un pourcentage qui ne dépasse pas 5 %.

L'individu N3 est affecté à la population d'el bayadh a 91 % et aux autres populations (Saïda, Adrar, Sidi Bel Abbès et Naâma) avec des pourcentages qui ne dépasse pas 60%.

Les individus N1, N2, N3 et N5 sont affectés à la population de Aïn Témouchent avec des populations avec des pourcentages de plus de 93 %.

Saïda : deux individus (S1, S2) sont affectés au populations d'Aïn Témouchent avec des pourcentages de 80 % et 48 %.

Deux autres individus S4, S5 sont affectés à Adrar avec des pourcentages de 81% et 84% respectivement.

Deux autres individus sont affectés aux populations de Naâma et el bayadh avec des pourcentages de 85% et 49 % respectivement.

Un seul individu est affecté à la même population a 52 %.

Aïn Témouchent : six individus sont affectés à cette population avec des pourcentages variant de 47% à 77%.

Les individus restants sont affectés aux populations de : Saïda avec un pourcentage de 36 % et 59 % et aux populations de Naâma et Tiaret et el bayadh aux pourcentages : 83%, 48% et 84 % respectivement.

Tiaret : deux individus de cette population sont affectés à Aïn Témouchent a 77% et 91% et deux autres à la population de Naâma (38% et 86%)

Seulement Deux individus sont affectés à cette population a 55% et 28 %.

Les autres individus sont affectés à Sidi Bel Abbès, el bayadh et Adrar aux pourcentages de 37%, 100 % et 48% respectivement.

Tlemcen : six individus de 14 sont affectés à la population d'Aïn Témouchent avec des pourcentages variants de 70% à 91%.

Seulement deux individus sont affectés à la population de Tlemcen avec des pourcentages de 49% et 82 %.

Les individus restants sont affectés à Adrar, Elbayadh, naâma qui sont des régions désertiques aux pourcentages supérieurs à 95%.

D'abord, et d'après les résultats d'affectation obtenues, nous constatons que la plupart des individus ne sont pas affectés correctement à leurs populations, c'est dû probablement aux croisements non contrôlés et le non-respect du berceau, et l'absence d'une valorisation de cette espèce en étant une espèce en voie de disparition.

Dans la présente étude nous constatons qu'il Ya deux groupes selon les affectations :

Le premier groupe : contient la majorité des individus de la population analysée, ces individus ne sont pas affectés à leurs population d'origine, ils sont affectés aux populations de la région désertique et semi-aride tel que : Adrar, naâma, Elbayadh, au pourcentages qui se mettent entre 50 % et 100 % .

Le deuxième groupe : contient au petit groupe d'animaux qui sont affectés correctement a 100 % à leurs populations.

Conclusion & Perspectives

CONCLUSION ET PERSPECTIVES

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

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

Tenant compte de nos résultats et vu l'importance de l'âne dans notre société et surtout dans l'agriculture montagnaise. Il convient de sortir par des propositions permettant l'amélioration la productivité de l'élevage asinien qui est un élevage très négligé, mets cette espèce dans un danger d'extinction.

D'après nos résultats, la population étudiée présente une hétérogénéité morphologique (taille, format, poids etc.) et phénotypique (couleur de la robe, des membres de la tête ...etc.) ; nous pouvons dire que la population asine dans cette région est de taille moyenne et de couleur marron chez la plupart des animaux ; avec la présence d'autres couleurs comme le gris et le noir ; ce qui nécessite une étude génotypique pour identifier ces races ou populations.

C'est dans ce contexte et dans une optique de recherche de mesures appropriées pour la préservation de ces ressources que ce travail de thèse a été focalisé sur la caractérisation génétique de 8 populations asines (Naâma, Sidi Bel Abbès, Aïn Témouchent, El Bayadh, Tiaret, Adrar, Tlemcen et Saïda.). La première action a été entamée sur l'étude des relations phylogénétiques de ces populations. Ainsi le polymorphisme génétique de ces races a été étudié par 17 marqueurs microsatellite « VHL20, HTG4, AHT4, HMS7, HTG6, AHT5, HMS6, ASB23, ASB2, HTG10, HTG7, HMS2, HMS3, ASB17, Lex3, HMS1, CA425 », en analysant 65 échantillons d'ADN.

De manière globale les résultats de cette caractérisation moléculaire ont montré que la population asine de l'ouest et sud algérien possède une grande variabilité génétique au niveau intra- populationnelle par rapport à celles de la variabilité génétique inter- populationnelle. Cette diversité génétique observée est exposée à plusieurs problèmes tels que le non-respect des berceaux et l'envahissement de certaine phénotypes par rapport aux autres. L'identification des races asines existés est utile pour le patrimoine génétique existant localement qui nécessite en toute urgence un programme de caractérisation génétique et zootechnique qui doit être mis en œuvre dans tout le territoire national pour ces populations dans une perspective d'intégration dans des programmes de conservation génétique.

Sur les 165 ADN extraits, seuls 65 ont pu être amplifiés par PCR et génotypés par séquenceur automatique via 17 marqueurs moléculaires de type microsatellites adaptés au équins "VHL20, HTG4, AHT4, HMS7, HTG6, AHT5, HMS6, ASB23, ASB2, HTG10, HTG7, HMS2, HMS3, ASB17, Lex3, HMS1, CA425". Au cours de ce travail, plusieurs logiciels ont été employés pour évaluer des critères de diversité des populations asine.

Les résultats obtenus ont montré une variabilité génétique assez élevée au niveau des races asines étudiées. En effet, sur un total de 65 animaux génotypés, un total de 108 allèles différents ont été trouvés par les 17 microsatellites testés. L'indice moyen d'hétérozygotie non biaisé obtenu pour toutes les populations est de $(0,543 \pm 0,021)$. La comparaison des populations étudiées a montré que c'était la population de Tlemcen qui présente la plus grande variation génétique intra-race avec 67 allèles et une hétérozygotie théorique non biaisé la plus élevée avec $0,558 \pm 0,057$. En revanche, la population d'El Bayadh a la plus faible variation génétique intra-race avec 42 allèles et le taux le plus bas d'hétérozygotie non biaisé $0,647 \pm 0,082$. Cela est probablement dû à la petite taille de l'échantillon analysé et au petit nombre d'animaux de cette espèce existant dans notre pays.

Afin d'estimer la variabilité inter-race, une analyse de la structuration des huit populations étudiées a été réalisée. Cette analyse a montré que la diversité totale de l'ensemble des huit races est due majoritairement à la diversité intra-population (99%), le taux de diversité inter-populations a été estimé à 1%, ce qui indique que la diversité globale est principalement due à la diversité entre les individus au sein d'une population et que les populations ne sont pas isolées les unes des autres (probablement due au mélange non contrôler pratiquer par les éleveurs).

Dans cette étude, il est permis d'abord de constater une richesse allélique de l'ordre de 2.14 pour l'ensemble des 8 populations étudiées ; ce qui est relativement important dans les études de caractérisation des populations asines. On a constaté que pour les 8 populations étudiées on a 4 populations sont en déséquilibre d'EHW à cause du déficit en hétérozygoties. Les hypothèses qui peuvent expliquer ces déséquilibres sont liées à des facteurs génétiques (relation consanguine, déséquilibre d'association et effet paternel), à l'existence d'allèles nuls et à l'effet Wahlund (des sous-groupes existent au niveau des races). Au total, 653 cas de déséquilibre d'association ont été détectés dans les huit populations étudiées. La population de Tiaret présente le plus grand nombre de cas de déséquilibre d'association ($n = 116$), et tous les loci étaient dans l'état de déséquilibre d'Hardy-Weinberg.

La démonstration des relations phylogénétiques entre les 8 races équines algériennes a mobilisé plusieurs approches : **a)** distances génétiques (distance standard Nei-Reynolds) ; **b)** analyse factorielle de la correspondance. Les informations obtenues grâce à ces méthodes montrent que les populations asines en Algérie appartiennent à trois grands groupes qui pourraient être préservés indépendamment pour maintenir leur diversité génétique. On a aussi remarqué qu'il n'existe pas une distinction claire entre les populations.

Une proximité génétique entre les populations des huit wilayas Naâma, Sidi Bel Abbès, Aïn Témouchent, El Bayadh, Tiaret, Adrar, Tlemcen, Saïda.

D'une manière générale, ces résultats constituent le pas fondamental vers une prise de décision judicieuse avant le développement de programmes de valorisation génétique et de préservation des races asines en Algérie.

Les résultats mettent en évidence le déclin de la diversité génétique des races asines en Algérie. La pollution génétique est particulièrement prononcée par les croisements incontrôlés réalisés par les éleveurs. On doit donc formuler d'urgence un plan national de gestion et de préservation de ces ressources génétiques.

La mise en place urgente d'un plan national de gestion et de conservation de ces ressources génétiques nécessite, d'une part, une réponse rapide des autorités nationales en créant des fonds spécifiques pour la caractérisation, contrôle de la filiation et la protection des ressources génétiques menacées des populations asines locales, et d'autre part, le soutien

de la communauté scientifique en encourageant leurs travaux de recherche sur l'évaluation et la caractérisation des races asines algériennes en étroite collaboration avec des éleveurs motivés pour créer des associations locales afin de préserver la diversité génétique de chaque population ou race asine locale.

Cette thèse propose un certain nombre de recommandations pouvant contribuer à la création du support et à long terme, mettre en place des systèmes de protection de la variabilité génétique des races asines locales qui sont :

- Encourager vivement les autorités locales à promulguer des lois pour protéger et gérer les ressources génétiques végétales et animales en fixant des priorités en termes d'économie de ces ressources.
- Établir et améliorer les méthodes de gestion des animaux d'élevage (construire un arbre généalogique et le contrôle de la filiation des races asines locale au niveau national.
- Mettre en place un comité départemental des ressources génétiques pour s'assurer que la gestion des ressources génétiques, les plans de sélection et d'hybridation sont améliorés pour minimiser le risque d'hybridation consanguine et incontrôlée. De tels programmes doivent aussi viser les aspects de reproduction et de production intra race.

Cette étude nous a permis de faire le premier pas vers la caractérisation génétique de l'âne algérien. Le fait est qu'à la suite de ces travaux, un certain nombre d'éléments méritent d'être approfondis dans les recherches futures.

- Élargir le périmètre d'échantillonnage : nous prévoyons d'élargir le périmètre de recherche à plus de races ou populations, donc échantillonnant des animaux répartis dans d'autres régions du pays, afin d'avoir une idée plus ou moins complète sur les caractéristiques du troupeau asin algérien.
- Utilisation de nouveaux marqueurs (tels que les SNP) produira des résultats plus informatifs.
- Mise en œuvre des affectations raciales par l'outil moléculaire.

En étroite coopération avec les associations de sélection et les éleveurs dans ce domaine, un réseau national de formation, recherche et développement dédié aux ressources zoogénétiques doit être mis en place. Un tel réseau consultera dans les domaines suivants :

CONCLUSION ET PERSPECTIVES

- ✓ Inventaire de la biodiversité.
- ✓ Guide pour la conservation et l'amélioration génétique des animaux.
- ✓ Continuité et renforcement des travaux réalisés pour le secteur asin.
- ✓ Suggérer de nouvelles actions nécessaires pour mieux contrôler la situation raciale.
- ✓ Évaluer et vérifier les projets de recherche et développement liés aux ressources zoogénétiques locales.

Article scientifique

Original Research Paper

Morphobiometric characterization of donkey resources in the extreme west of Algeria

Labbaci M^{*1,4}, Djaout A^{2,3}, Hayaoui H^{1,4}, djiliel F^{1,4}, AmeurAmeur A⁴, Gaouar S.B. S⁴

¹Laboratory of Physiopathologie and biochemical of nutrition (FpBioNu), Faculty SNV/STU, University ABOU BEKR BELKAID, Tlemcen, Algeria

² National institute of agronomical Research of Algeria (INRAA), Agro system division. Séf

³ Laboratoire de production animale, Biotechnologie et santé (FABIOS). Institut des Sciences Agrovétérinaires (ISAV). Université Mohammed Cher jMessaadia. Souk-Ahras 41.000. Algérie

⁴Laboratory of Genetic applied in Agronomy, ecology and public health (GenApAgIE), Faculty SNV/STU, University ABOU BEKR BELKAID, Tlemcen, Algeria

*Corresponding Author: Labbaci Madani, University of Abou Bekr Belkaid, Tlemcen;

Email: madanilabbaci-92@hotmail.com / madanilabbaci13@gmail.com

Article history; Received: September 5th 2021, Revised: September 25th 2021; Accepted December 4th 2021

Abstract

The goal of this study is to characterize the diversity of the Algerian south donkey population, characterize its biometric variability, and determine the evolutionary relationships of this animal with its congeners at various latitudes. A total of sixty-six adult asses, distributed on the level of three wilayas from where eleven body measurements, six body indexes developed in horses and adapted to donkeys were calculated, and seven phenotypical characters were retained for this study. Measurements Lsi, HG, TP, LI, LE, PC, LT, LO, LQ, LaT, Tm, Pv1, Pv2 are respectively: 98.05|10.46; 105.31|6.59; 188.88 | 18.61; 32.62|4.61; 27,17|4.41; 15.52|2.42; 50.92|3.82; 24.07|3.59; 39.24|14.30; 23.174|3.09; 41.82|3.52; 171.83|32.76; 145.83|27.62. Those information are used to compute 6 body indexes. According to body and profile indexes we deduce that our animals were medial linear and small (PI = 1,08 and BI = 0,82), they could not even bear their own weight loads (CI > 1), their heads were long (HI = 0,45 < 1) with a square body shape (LI = 0,93 < 1,10). Donkeys' thoracic development was average according to (CD = 1,13). All parameters except the LE, PC, TM for the regions showed a significant difference on examined body measurements (p < 0,05). On the phenotypical characteristics, a factorial analysis of the multiple correspondences revealed two main components that account for 48,90 and 44,26 % of total inertia, or 93,2 %. These percentages are related to the dress color, the head, the members, the hairs, the muzzle, and the belly. This research revealed significant phenotypic differences that should be included in the specie's characterization and conservation efforts.

Keywords: population, Algerian south donkey, phenotypical characteristics, characterization, conservation.

المخلص

الهدف من هذا الدراسة هو توصيف تنوع مجموعات الحمير الجزائرية الجنوبية، والتحديد العلاقات التطورية لهذا الحيوان مع نظيره على مختلف المستويات. إجملي ستة وستين حميرا بلغ، موزعة على مستوى ثلاث ولايات اخذ منها احدى عشر فينتا للحمير، وستة مؤشرات للحمير تم تطويرها في الخيول وتكييفها مع الحمير، وتم الأخذ بسبعة سمات ظاهرية لهذه الدراسة. القياسات Lsi, HG, TP, LI, LE, PC, LT, LO, LQ, LaT, Tm, Pv1, Pv2 هي على التوالي: 98,05 | 10,46 ; 105,31 | 6,59 ; 188,88 | 18,61 ; 32,62 | 4,61 ; 27,17 | 4,41 ; 15,52 | 2,42 ; 50,92 | 3,82 ; 24,07 | 3,59 ; 39,24 | 14,30 ; 23,17 | 3,09 ; 41,82 | 3,52 ; 171,83 | 32,76 ; 145,83 | 27,62. تلك المعلومات هي المستخدمة لحساب 6 مؤشرات الجسم. وفقا لمؤشرات الجسم والمظهر، نستنتج ان حيواناتنا كانت خطية وسطية وصغيرة (PI = 1,08) و (BI = 0,82)، لم يكن بإمكانهم حتى تحمل احمال وزنيهم (CI > 1)، وقد امتلكت رؤوسا طويلة (HI = 0,45 < 1) مع شكل جسم مربع (LI = 0,93 < 1,10). متوسط نمو صدر الحمير كان (CD = 1,13). أظهرت جميع الصفات باستثناء LE, PC, TM للمناطق فروقا معنوية في فينتات الجسم التي تم فحصها (p < 0,05). فيما يتعلق بالخصائص المظهرية، كشف تحليل متعدد المكونات مكونين رئيسيين يمثلان 48,90 و 44,26% من إجملي القصور الثاني، أو 93,2%. ترتبط هذه النسب بون العرو، والرأس، والأرجل، والشعر، وكثافة العرو، والبطن. كشف هذا البحث عن اختلافات تعظيمية كبيرة يجب تضمينها في توصيف النوع و جهود الحفظ.

الكلمات الرئيسية: مجموعات، الحمير الجنوبية الجزائري، الخصائص الظاهرية، التوصيف، الحفظ.

*Références
bibliographiques*

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- **Aberle KS, Hamann H, Drogemuller C, Distl O.** (2007). Phylogenetic relationships of German heavy draught horse breeds inferred from mitochondrial DNA D-loop variation, *J, Anim, Breed, Genet*, 124, 94–100.
- **Ajmone-Marsan P, Valentini A, Cassandro M, Vecchiotti-Antaldi G, Bertoni G, Kuiper MTR.** (1997). AFLP markers for DNA fingerprinting in cattle, *Animal Genetics*, 28, 418-426.
- **Andru J.** (2012). Les populations invasives de rongeurs en milieu agricole : une étude menée dans des cultures de grande échelle, les plantations de palmiers à huile en Indonésie - Approche paysagère, génétique et écotoxicologique – Thèse de doctorat, Université de Lyon, France p180.
- **Aroua M, Khaldi S, Ben A Dit S, Jemmali B, Mahouachi M,** 2020. Caractérisation morphobiométrique des ressources donkeys en la Tunisie. *Journal of New Sciences, Sustainable Livestock Management*, 12 (2) :265-273
- **Aroua, Mohamed, Bayrem Jemmali, ouled ahmed Hatem, Sana Khaldi, Samia ben said, Rania Baccouche, et Mokhtar Mahouachi.** 2019. « Genetic characterization of Tunisian donkey with DNA microsatellites ». *The Indian journal of animal sciences* 89 (septembre): 966-69.
- **Ayad, Abdelhanine, Sofiane Aissanou, Karim Amis, et Amel Latreche.** 2019. « MORPHOLOGICAL CHARACTERISTICS OF DONKEYS (EQUUS ASINUS) », 11.
- **BAILLET M, 1888.** Les ânesses laitières de Toulouse. Consulté le Janvier 10, 2012, sur <http://www.bourricot.com/Selection/VertusLait.html>
- **Baumung R, Simianer H. et Hoffmann I.** (2004). Genetic diversity studies in farm animals a survey. *J Anim Breed Genet.*121, 361–373.
- **Bautista Salas AM.** (2009). Caractérisation agro-morphologique et moléculaire d'une collection de landraces péruviennes de pigeonpea (*Cajanus cajan* L, Millsp.) pour l'analyse de sa diversité, PhD Thesis, FUNDP, p, 245.
- **Beckman JS, Weber JL.** (1992). Survey of human and rat microsatellites, *Genomics*, 12, 627-631.
- **Behl, Rahul, D K Sadana, Jyotsna Behl, Priyanka Banerjee, Jyoti Joshi, R K Vijh, P N Attri, Sanjeev Nadda, et B K Joshi.** 2017 « Characterization and Microsatellite Analysis for Genetic Diversity and Bottlenecks of Spiti Donkey ». *Indian Journal of Animal Sciences*, 6.

- **Behl, Rahul, Saket Niranjana, Jyotsna Behl, Reena Arora, P. Singh, et Ramesh Viji.** 2021. « Genetic characterization of donkeys of Braj region of India ». *Animal Biotechnology*, mai, 1-3. <https://doi.org/10.1080/10495398.2021.1919131>.
- **Beja-Pereira, A.** 2004. « African Origins of the Domestic Donkey ». *Science* 304 (5678): 1781-1781. <https://doi.org/10.1126/science.1096008>.
- **Belkhir K, Borsa P, Goudet J, Chikhi L, Bonhomme F.** (2001). *GENETIX : logiciel sous Windows™ pour la génétique des populations*, Laboratoire Genome et Populations, CNRS UPR 9060, Université Montpellier II, France.
- **Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F.** (2002). *GENETIX 4.04, Logiciel sous Windows™ pour la Génétique des Populations*. Montpellier (France): Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II.
- **Benzécri JP.** (1973). *Théorie de l'information et classification d'après un tableau de contingence. L'analyse des données, tome 1*, Ed. Dunod, Paris.
- **Black W.** (1993). PCR with arbitrary primers: approach with care, *Insect Molecular Biology*, 2(1), 1{6}.
- **Boichard D, Le Roy P, Levéziel H, Elsen JM.** (1998). Utilisation des marqueurs moléculaires en génétique animale, *INRA Prod, Anim*, 11(1) : 67-80.
- **Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW.** (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms, *Am J Hum Genet*, 32(3):314-31.
- **Boujenane I, Touati I, Machmoum M,** 2008. Mensurations corporelles des chevaux Arabe-arabes au Maroc. *Revue Méd. Vét*, 159, 3, 144-149.
- **Boujenane, I, Machmoum, M,** 2008 : Mensurations corporelles des ânes des races Poitevine et Catalane et de leurs croisés au Maroc. *Revue Élev. Méd. Vét. Pays Trop*, 61, 1, 63—67. DOI: 10.19182/remvt.10015
- **Bowling AT, Del Valle A, Bowling M.** (2000). A pedigree- based study of mitochondrial D-loop DNA sequence variation among Arabian horses, *Anim, Genet*, 31, 1–7, In Aberle et al 2007.
- **Brown WM, George M, Wilson AC,** 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA, *Proceedings of the national Academy of Sciences USA*, 76, 1967-1971.
- **Bruford MW, Wayne RK.** (1993). Microsatellites and their application to population genetic studies current opinion in *Genetics and Development* 3, 939 –943, In Moazami – Gondarzi K, (1994).

- **Bucheton P, Murail MA, Thiéblemont C.** (2008). L'“évolution comment ça marche, Editions Bordas- Manuel de l'élève, p : 112.
- **Camillo, Francesco, Alessandra Rota, Lorenzo Biagini, Matteo Tesi, Diana Fanelli, et Duccio Panzani.** 2018. « The Current Situation and Trend of Donkey Industry in Europe ». *Journal of Equine Veterinary Science, SI:Donkey Science*, 65 (juin): 44-49. <https://doi.org/10.1016/j.jevs.2017.11.008>.
- **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.
- **Chabchoub A, Et Tibary A,** 2008. Le comportement sexuel du baudet. *Nouv. Prat. Vét. Équine* 2008, (15), 47-49.
- **Chabchoub A, Tibary A, Trimeche A.R,** 2007. Particularités et spécificités de la reproduction du baudet. *Nouv. Prat.vet.equine* (100), 36-40.
- **Chambers GK, MacAvoy ES.** (2000). Microsatellites : consensus and controversy, *Comparative Biochemistry and Physiology, Part B*, 126, 455-476.
- **Chapuis MP, Estoup A .** (2007). Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. *Mol Biol Evol* 24: 621–631.
- **Chiofalo B, Piccolo D, Riolo E.B, Maglieri C, et Salimei E,** 2006.Different fibre sources in dairy ass's diet. I. Effects on milk fatty acid composition. *Dans N. Miraglia, & Martin-Rosset, Nutrition and Feeding of the Broodmare*, 120. *Wageningen Academic Publishers ed, Campobasso, Italie*, 175-176.
- **Cooper DN, Krawczak M, Antonorakis SE.** (1995). The nature and mechanisms of human gene mutation, In: C, Scriver, AL Beaudet, WS Sly, D, Valle (eds), *Metabolic and molecular bases of inherited disease*, 7th ed, 259-261, McGraw-Hill, New-York.
- **Coppola R, Salimei E, Succi M, Sorrentinno E, Nanni M, Ranieri P, Belli Blanes R, et Grazia L,** 2002.Behaviour of *Lactobacillus rhamnosus* strains in ass's milk. *Annals of Microbiology*, 52, 55-60.
- **Cribiu J.M, Senius C, Cristian L C, Ono S,** 1998. Chromosomes of the horse, the donkey and the mule. *Chromosoma*. 13, 243–248.
- **Crow JF. Kimura M,** 1970. *An introduction to population genetics theory.* Harper et Row, New-York.
- **Defeu, M, Meutchieye, F, Manjeli, Y,** 2015: Phenotypic diversity of domestic donkeys (*Equus Africanus Asinus*) in Northwest Cameroon Highlands. *Bull. Anim. Hlth. Prod. Afr.*AnGR, Special edn, 137—149.

- **Delacretaz-Wolff AS.** (1997). Etudes génétiques et sérologiques des systèmes de groupes sanguins du mouton. Thèse Doctorat, Ecole Polytechnique Fédérale De Zurich, Suisse. p.190.
- **Diminiard, Xellyssia, Pauline Duplaa, et Angélique Jeandel.** 2020. « Typologie des exploitations donkeys laitières françaises », 4.
- **Diminiard, Xellyssia, Pauline Duplaa, et Angélique Jeandel.** 2020. « Typologie des exploitations donkeys laitières françaises », 4.
- **Djaout, A, Afri-Bouzebda, F, Bouzebda, Z, Benidir, M,** 2018: Morphological characterization and study of zootechnical indexes of Berbere sheep in Eastern Algeria. *Ind. J. Anim. Sci*, 88, 6, 706—713.
- **Djokovic, Stefan, LjiljanaSabljić, Lazar Marković, LjubicaKosić, et RuzicaTrailovic.** 2020. « Physical (Morphometric) and Electrocardiographic Parameters in Balkan Donkey in Serbia ». *American Scientific Research Journal for Engineering, Technology, and Sciences* 72 (septembre): 143-51.
- **Earl DA, vonHoldt BM.** (2012). STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method, *Conservation Genetics Resources* vol, 4 (2) 359-361.
- **Ebangi, A. L, Vall, E,** 1998: Phenotypic characterization of draf donkeys within the Sudano-Sahelian zone of Cameroon. *Revue Élev. Méd. Vét. Pays Trop*, 51, 4, 327—334.
- **Evanno G, Regnaut S, Goudet.** (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: asimulation study, *MolEcol*, 14: 2611—2620.
- **Excoffier L, Lischer HEL.** (2010). Arlequin suite v 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10: 564-567.
- **Falush D, Stephens M, Pritchard JK.** (2007). Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles, *Mol, Ecol, Notes*, 7:574—578.
- **FAO, 2004.** Measurement of domestic animal divesity – a review of recent diversity studies, Commission on Genetic ressources for Food and Agriculture – Working group on animal genetic ressources for food and agriculture, 3ème session, Rome, 31 mars-2 avril 2004, p38.

- **FAO.** (1984). Animal genetic resource conservation by management, databanks and training. Animal Production and Health Paper, No. 44/1.
- **FAO.** (1992). The management of global animal genetic resources. Proceedings of an Expert Consultation, Rome, Italie. Animal Production and Health, No.104.
- **FAO.** (2008). L'état des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde, édité par Barbara Rischkowsky et Dafydd Pilling. Rome. P 3888.
- **FAO/PNUE.** (2000). Liste mondiale d'alerte pour la diversité des animaux domestique, 3ème édition édité par B.D. Scherf. Rome.
- **FAOSTAT s. d.** Consulté le 11 juin 2021.<http://www.Fao.org/Faostat/fr/#data/QA>.
- **FAOSTAT s. d.** Consulté le 11 juin 2021.<http://www.Fao.org/Faostat/fr/#data/QA>.
- **Felsenstein J.** (1985). Confidence limits on phylogenics: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39, 783-791.
- **Felsenstein J.** (1993). PHYLIP Phylogeny inference Package, Version 3.5 Edition. Department of Genetics. Washington University, Seattle.
- **Felsenstein J.** (2013). PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.695. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.
- **Folch P, Jordana J, 1997.** Caractérisation, plages de référence et influence du sexe sur paramètres morphologiques de la race d'âne catalane en voie de disparition. *Journal of Equine Veterinary Science* 17: 102-11
- **Fotsa JC.** (2008). Caractérisation des populations de poules locales (*Gallus gallus*) au Chaid-
- **Frankham R.** (2005). Genetics and extinction. *Biological Conservation*. 126, 131-140.
- **Gaouar SBS.** (2009). Etude de la biodiversité : Analyse de la variabilité génétique des races ovines algériennes et de leurs relations phylogénétiques par l'utilisation des microsatellites, Thèse de Doctorat, Université des sciences et de technologie d'Oran (USTO).
- **Goudet J.** (2001). FSTAT, A Program to Estimate and Test Gene Diversities and Fixation Indices (Version 2.9.3). Université de Lausanne, Lausanne, Suisse (available at <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm> last accessed 1 October 2011).
- **Guo SW, Thompson EA.** (1992). Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles, *Biometrics*, 48, 361-372.
- **Hannani, H, Z. Bouzebda, F. Bouzebda-Afri, A. Hannani, et M. D. E. H. Khemis. 2020.** « Morphometric Characteristics of the Extreme Eastern Algerian Domestic

Donkey (*Equus Asinus*) ». *Folia Veterinaria* 64 (1): 66-76. <https://doi.org/10.2478/fv-2020-0009>.

- **Harrison RG.** (1989). Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolution biology, *Trends in Ecology and Evolution*, 4, 6-11.
- **Hartl DL, Clark AG.** (1997). *Principles of population genetics*, Sinauer Associates, INC Cenderland.
- **Hartl DL.** (1988). *Génétique des populations*. Médecine-Science Flammarion, Paris : p.305
- **Hill EW, Bradley DG, Al-Barody M, Ertugol O, Splan R K, Zakharov I, Cunningham EP.** (2002). History and integrity of thoroughbred dam lines revealed in equine mtDNA variation, *Anim, Genet*, 33, 287–294.
- **Hubisz MJ, Falush D, Stephens M, Pritchard JK.** (2009). Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Mol Ecol Resour* 9 (5): 1322-1332. DOI: 10.1111/j.1755-0998.2009.02591.x
- **Huson DH, Scornavacca C.** (2012). Dendroscope 3- An interactive viewer for rooted phylogenetic trees and networks, *Systematic Biology*; doi: 10.1093/sysbio/sys062.
- **IACONO G, CARROCCIO A, CAVATAIO F, MONTALTO G, SORESI M, et BALSAMO V, 1992.** Use of ass' milk in multiple food allergy. *Journal of Pediatric Gastroenterology and Nutrition*, 14, 177-181.
- **Jeffreys AJ, Wilson V, Thein SL.** (1985). Hypervariable „minisatellite“ regions in human DNA. *Nature*, 314, 67-73.
- **John, P.A, G.N Akpa, et A.O Iyiola-Tunji. 2017.** « WeanerNJASJournal.Pdf ». *Anim. Sci.*
- **Kabore S.** Caractérisation morphobiométrique et biochimique de l'âne (*Equus asinus*) du Burkina Faso. Thèse de doctorat vétérinaire, Université Cheikh-Anta Diop, Dakar, Sénégal, 2014. 50,66 p
- **Kabore S.** Caractérisation morphobiométrique et biochimique de l'âne (*Equus asinus*) du Burkina Faso. Thèse de doctorat vétérinaire, Université Cheikh-Anta Diop, Dakar, Sénégal, 2014. 50,66 p
- **Kalinowski ST, Taper ML, Marshall TC.** (2007). Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment, *Molecular Ecology* 16:1099-1106.
- **Karp A, Seberg O, Buiatti M,** 1996. Molecular Techniques in the Assessment of Botanical Diversity, *Annals of Botany*, 78, 143-149.

- **Kavar T, Brem G, Habe F, Sölkner J, Dovc P.** (2002). History of Lipizzan horse maternal lines as revealed by mtDNA analysis, *Genet, Sel, Evol*, 34, 635–648, In Aberle et al 2007.
- **Khaleel, AliyuGarba, LawalAbdullahiLawal, Mudassir Nasir, Alhassan Musa Hassan, Muhammad Ibrahim Abdu, NasiruSalisu, et Ahmad SyazniKamarudin.** 2020. « Morphometric Characterization of Donkeys (*Equus Asinus*) in D/Kudu Kano State For Selective Breeding and Genetic Conservation ». *Journal Of Agrobiotechnology* 11 (2): 12-21. <https://doi.org/10.37231/jab.2020.11.2.216>.
- **Klungland H, Vage DI, Gomez-Raya L, Adalsteinsson S, Lien S.** (1995). The role of melanocyte stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination, *Mammalian Genome*, 6, 636-639.
- **Koboyeva, Firuza, Nuray Güzeler, et Kadir Esen.** 2016. Donkey Milk.
- **Labbaci, M** , 2016: Caractérisation morphométrique et typologie de l'élevage de l'âne (*Equus asinus*) au niveau de la wilaya de Tlemcen (mémoire master) .
- **Labbaci, M, Djaout, A, Benyarou, M, Ameer, A, Gaouar,S. B. S,** 2018: Morphometric characterization and typology of donkey farming (*Equus Asinus*) in the wilaya of Tlemcen.*Genet. Biodiv. J*, 2, 1, 60—72.
- **Lagarde E,** 2010. La conduite et l'hygiène de la saillie chez l'âne.22 :104-106.
- **Lagziel A, DeNise S, Hanotte O, Dhara S, Glazko V, Broadhead A, Davoli R, Russo V, Soller M,** 2000.Geographic and breed distribution of an Msp I PCR-RFLP in bovine ,*Animal Genetics*, 31: 210–213
- **Laliberté HY.** (1998). Caractérisation de la variabilité et des distances génétiques des bovins de race canadienne, suisse-brune et Holstein a l'aide du polymorphisme des caséines et de marqueurs microsatellites. Mémoire de maitrise en science biologiques. Université de Sherbrooke, Québec, Canada, 74 P.
- **Lauzier A.C,** 2011. Pratiques d'allaitement à Port-Royal et aux Enfants-Assistés à la fin du XIXe siècle. Mémoire pour le diplôme d'Etat de sage-femme, Faculté de médecine de Paris, *Ecole de Sage-femme de Baudelocque*, 82 p.
- **Leroy G.** (2008). Genetic diversity and breed management in dogs, Ph,D Thesis, AgroParisTech, p:210.
- **Levinson G, Gutman GA.** (1987). *Molecular Biology and Evolution*, 4(3), 203-221.
- **Linnaeus,** 1758.*Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference*, Volume 1 publié par Don E. Wilson,DeeAnn M. Reeder

- **Mantel N.** (1967). The detection of disease clustering and generalized regression approach. *Cancer Res.* 27 : 209-220.
- **Mao X, Gu J, Sun Y, Xu S, Zhang X, Yang H, Ren F,** “Anti-proliferative and anti-tumour effect of active components in donkey milk on A549 human lung cancer cells”. *Int Dairy J*, 19. 703-708. 2009
- **Mariante, A, Da, S, Miserani, M. G, Mc Manus, C, Santos, S. A, De Abreu, U. G. P, et al, 2002:** Body indexes for the Pantaneiro horse. In Proceedings 7th World Congr. Genet.Appl. Livest. Prod, 30, 431—434.
- **Mariante, A, Da, S, Miserani, M. G, Mc Manus, C, Santos, S. A, De Abreu, U. G. P, et al, 2002:** Body indexes for the Pantaneiro horse. In Proceedings 7th World Congr. Genet.Appl.
- **Marshall TC.** (2006). CERVUS, 3,0, Cervus is a computer program for assignment of parents to their offspring using genetic markers, Cervus, a Windows package for parentage analysis using likelihood approach, CERVUS was written by Tristan Marshall (1998/2006) <http://www.fieldgenetics.com> (Erişimtarihi: 02,07,2008).
- **Meutchieye, Félix, Nfor Napoleon Kwalar, et Rose Armelle Florence Nyock. 2014.** « Chapter 12. Donkey Husbandry and Production Systems », 23.
- **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.
- **Montaldo HH, Meza-Herrera CA.** (1998). Use of molecular markers and major genes in the genetic improvement livestock, *Electronic journal of Biotechnology*, 1, 1 – 7.
- **Mostafa M, Abdelgalil A, Farhat S, Raw Z, Kubasiewicz L,2020.** Mesures morphométriques des pieds d'ânes de travail *Equus asinus* en Egypte. *Journal of Equine Science* 31(2):17-22
- **Negrini R, Milanese E, Bozzi R, Pellecchia M, Ajmone-Marsan P,** 2006. Tuscany autochthonous cattle breeds: an original genetic resource investigated by AFLP markers. *J. Anim. Breed. Genet.* 123, 10–16
- **Nei M, 1973.** Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 70(12 Pt 1-2), 3321–3323.
- **Nei M, 1978.** *Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from a Small Number of Individuals.* *Genetics*, 89(3), 583–590.

- **Nei M.** (1987). *Molecular evolutionary genetics*, Colombia University Press, New York, USA 70: 3321-3323.
- **Nei M, Roychoudhury A.K.** (1974) Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*. 76, 379–390
- **Nicks B, Delfontaine B, Canart B, Vanderbruggen J, Vandenheede M, 2006.** Caractéristiques morphologiques des juments de Trait belge. *Ann. Méd. Vét*, 150, p 247-251.
- **Nielsen D, Steele MR, et al.** (1994). Chromosomal localization of the callipyge gene in sheep (*Ovis aries*) using bovine DNA markers, *Proc Natl Acad Sci USA*. 91:3019–3023.
- **Nikolic N.** (2009). Diversité génétique et taille efficace chez les populations de poissons sauvages : le cas du saumon atlantique un poisson migrateur amphihalien menacé. Ph.D Thesis, Université Toulouse III, p. 301.
- **Ollivier L, Chevalet C, Fouley JL.** (2000). Utilisation des marqueurs pour la caractérisation des ressources génétiques, *INRA Prod, Anim*, numéro hors série « Génétique moléculaire : principes et application aux populations animales », 247-252.
- **Oudman, Luurt. 2004.** « Donkeys for Traction and Tillage », 84.
- **Ouragh L, Meriaux J.C, Braun J.P.** (1994). Genetic blood markers in Arabian, Barb and Arab–Barbhorses in Morocco. *Animal Genetics*. 25, 45–47.
- **P. Starkey.** *The professional Hand Book of the Donkey*. Svendsen, ED London, 1997, pp. 108-110
- **Parker HG, Kim LV, Sutter NB, Carlson S, Lorentzen TD, Malek TB, Johnson GS, DeFrance HB, Ostrander EA, Kruglyak L,** 2004. Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science*. 304, 1160–1164
- **Peakall R, Smouse PE.** (2006). GENALEX 6: Genetic Analysis in Excel, Population genetic software for teaching and research, *MolEcol Notes*, 6: 288–295.
- **Peakall R, Smouse PE.** (2012). GenAIEx 6,5: genetic analysis in Excel, Population genetic software for teaching and research – an update, *Bioinformatics* 28: 2537-2539.
- **PEARSON A, and OUASSAT M, 2000.** *A Guide to Live Weight Estimation and Body Condition Scoring of Donkeys*. Centre for Tropical Veterinary Medicine University of Edinburgh. P21.

- **Pearson A, and Ouassat M, 2000.** **A Guide to Live Weight Estimation and Body Condition Scoring of Donkeys.** *Centre for Tropical Veterinary Medicine University of Edinburgh. P21.*
- **Pearson, R.A. AND Ouassat, M. 1996.** Estimation of the live weight and body condition of working donkeys in Morocco. *The Veterinary Record* 138, 229-233.
- **Piry S, Alapetite A, Cornuet JM, Paetkau D, Baudouin L, Estoup A. (2004).** GENECLASS2: a software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity* 95, 536-539.
- **Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. (2000).** Inference of population structure using multilocus genotype data, *Genetics*, 155: 945–959.
- **Rannala B, Mountain JL. (1997).** Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 94, 9197-9201.
- **Rao KB, Bhat KV, Totey SM. (1996).** Detection of species – specific genetic markers infarm animal thought random amplified polymorphic DNA (RAPD), *Genetic anal*, 13 (5), 135 – 138.
- **Raveneau A, et Daveze J, 1996.** Le livre de l'âne, son histoire, sa famille, son éducation, toute sa vie. *Rustica Editions. 128 p*
- **Raymond M, Rousset F. (1995).** GENEPOP (Version 1, 2): Population Genetics software for exact tests and ecumenism, *Journal of Heredity* 86, 248-249.
- **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.
- **Reynolds J, Weir B. et Cockerham C. (1983):** Estimation for the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105, 767-779.
- **Rincon G, D'Angelo M, Gagliardi R, Kelly L, Llambi S, Postiglioni A. (2000).** Genomic polymorphism in Uruguayan Creole cattle using RAPD and microsatellite markers, *Research in Veterinary Science*, 69:171-174.
- **Roamba R.C.** Caractérisation morphobiométrique et biochimique des asins (*Equus asinus*) du Sénégal. Thèse de doctorat vétérinaire, Université Cheikh-Anta Diop, Dakar, Sénégal, 2014. 42-43 P
- **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.

- **Sadaka J, 2013.** L'âne, symboles, mythes et caractères. Mon Petit Editeur. P7,51-52
- **Saitou N, Nei M. (1987).** The Neighbor-Joining Method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4, 406-425.
- **SheJX, Autem M, Kotoulas G, Pasteur N, Bonhomme F, 1987.** Multivariate analysis of genetic exchanges between *Solea aegyptiaca* and *Solea senegalensis* (Teleosts, Soleidae), *Biol, J, Linn, Soc*, 32: 357-371.
- **Solignac M, Periquet G, Anxolabéhère D, Petit C. (1995).** Génétique et évolution Tome II. L'espèce, l'évolution moléculaire. Collection Méthodes ; Hermann, Editeurs des Sciences et des Arts. 367pp.
- **Stanisic, Ljubodrag, Jelena M. Aleksić, Vladimir Dimitrijevic, Branislav Kovačević, JevrosimaStevanovic, et Zoran Stanimirovic. 2020.** « Banat Donkey, a Neglected Donkey Breed from the Central Balkans (Serbia) ». *PeerJ* 8 (mars): e8598. <https://doi.org/10.7717/peerj.8598>.
- **Svendsen E, 2015.** Donkey care handbook. 4th Edition, Whittet Books, London.P108,118
- **Svendsen, E.D. 1997.** The Professional Handbook of the Donkey. 3rd Edition, Whittet Books, Ltd, London
- **Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipski A, Kumar S. (2013).** MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6,0, *Molecular Biology and Evolution*:30 2725-2729.
- **Tesse R, PAGLIALUNGA C, BRACCIO S, et ARMERIO L, 2009.** Adequacy and tolerance to ass's milk in an Italian cohort of children with cow's milk allergy. *Italian Journal of Pediatrics*, 35, 1-4.
- **Toro M, Lero A. (2004).** charecterisation and concervation of genetic diversity between breeds. 55 the Annual Meeting of the European Association of Animal Production, Bled, Slovenia, 5-8 September 2004.
- **Trommelen GJ, Den Daas JH, Vijg J, Uitterlinden AG. (1993).** DNA profiling of cattle using microsatellite and minisatellite, *Animal Genetics*, 24 (4), 235 – 241.
- **Vall E, Ebangi A.L, et Abakar O, 2002.** Barymétrie des ânes de trait Une méthode simple pour estimer le poids vif des animaux. *Conception Cirad-Tera - Cathy Rollin* - December 2002
- **Vawter L, Brown WM. (1986).** Nuclear and mitochondrial DNA comparison reveal externe rate in the molecular clock, *Science*, 234, 194-196.

- **Verrier E, colleau JJ, Foulley JL.** (1989). Perspectives d'évolution de la variabilité génétique et possibilité de progrès à long terme dans les populations animales sélectionnées, In : Molénat M, et Verrier E, la gestion des ressources génétiques des espèces animales domestiques, Ed Lavoisier, 62-70.
- **Vos P, Hogers R, Bleeker M, Van De Lee T, Hornes M, Frijters A, Pot J, Peleman J, Kuiper M, Zabeau M.** (1995). AFLP: a new technique for DNA fingerprinting, *Nucleic Acids Research*, 23, 4407-4414.
- **Wade CM, Giulotto E, Sigurdsson S, Zoli M, Gnerre S, Imsland F, Lear TL, Adelson DL, Bailey E, Bellone RR, Blöcker H, Distl O, Edgar RC, Garber M, Leeb T, Mauceli E, MacLeod JN, Penedo MC, Raison JM, Sharpe T, Vogel J, Andersson L, Antczak DF, Biagi T, Binns MM, Chowdhary BP, Coleman SJ, Della Valle G, Fryc S, Guérin G, Hasegawa T, Hill EW, Jurka J, Kiialainen A, Lindgren G, Liu J, Magnani E, Mickelson JR, Murray J, Nergadze SG, Onofrio R, Pedroni S, Piras MF, Raudsepp T, Rocchi M, Røed KH, Ryder OA, Searle S, Skow L, Swinburne JE, Syvänen AC, Tozaki T, Valberg SJ, Vaudin M, White JR, Zody MC; Broad Institute Genome Sequencing Platform; Broad Institute Whole Genome Assembly Team, Lander ES, Lindblad-Toh K .**(2009). *Science*. 2009 Nov 6; 326(5954):865-7. doi: 10.1126/science.1178158.
- **Williams JGK, Kublik AR, Livak KJ, Rafalski JA, Tingey SV.** (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers, *Nucleic Acids research*, 18, 6531-6535.
- **Wong, G.K, Liu, B, Wang, J, Zhang, Y, Yang, X, Zhang, Z, Meng, Q, Zhou, J, Li, D, Zhang, J, Ni, P, Li, S, Ran, L, Li, H, Zhang, J, Li, R, Li, S, Zheng, H, Lin, W, Li, G, Wang, X, Zhao, W, Li, J, Ye, C, Dai, M, Ruan, J, Zhou, Y, Li, Y, He, X, Zhang, Y, Wang, J, Huang, X, Tong, W, Chen, J, Ye, J, Chen, C, Wei, N, Li, G, Dong, L, Lan, F, Sun, Y, Zhang, Z, Yang, Z, Yu, Y, Huang, Y, He, D, Xi, Y, Wei, D, Qi, Q, Li, W, Shi, J, Wang, M, Xie, F, Wang, J, Zhang, X, Wang, P, Zhao, Y, Li, N, Yang, N, Dong, W, Hu, S, Zeng, C, Zheng, W, Hao, B, Hillier, L.W, Yang, S.P, Warren, W.C, Wilson, R.K, Brandstrom, M, Ellegren, H, Crooijmans, R.P, van der Poel, J.J, Bovenhuis, H, Groenen, M.A, Ovcharenko, I, Gordon, L, Stubbs, L, Lucas, S, Glavina, T, Aerts, A, Kaiser, P, Rothwell, L, Young, J.R, Rogers, S, Walker, B.A, van Hateren, A, Kaufman, J, Bumstead, N, Lamont, S.J, Zhou, H, Hocking, P.M, Morrice, D, de Koning, D.J, Law, A, Bartley, N, Burt, D.W, Hunt, H, Cheng, H.H, Gunnarsson, U, Wahlberg, P,**

Andersson, L, Kindlund, E, Tammi, M.T, Andersson, B, Webber, C, Ponting, C.P, Overton, I.M, Boardman, P.E, Tang, H, Hubbard, S.J, Wilson, S.A, Yu, J, Wang, J, Yang, H.; International Chicken Polymorphism Map Consortium. (2004). A genetic variation map for chicken with 2.8 million singlenucleotide polymorphisms. *Nature*, 432: 717–722.

- **Wright S.** (1978). Evolution and the Genetics of populations Variability within and Among Natural Population.
- **Yang YH, Kim KI, Cothran EG, Flannery AR,** 2002. Genetic diversity of Cheju Horse (*Equus caballus*) determined by using mitochondrial DNA D-loop polymorphism, *Biochem, Genet*, 40, 175–186.
- **Yatkın, Selen, Fulya Özdil, Emel Özkan Ünal, Serdar Genç, Selçuk Kaplan, Eser Kemal Gürcan, Sezen Arat, et Mehmet İhsan Soysal.** 2020. « Genetic Characterization of Native Donkey (*Equus Asinus*) Populations of Turkey Using Microsatellite Markers ». *Animals* 10 (6): 1093. <https://doi.org/10.3390/ani10061093>.
- **Yeh FC, Yang RC, Boyle TBJ, Ye ZH, Mao JX.** (1997). POPGENE: The User-Friendly Shareware for Population Genetic Analysis, Edmonton, AB, Canada: University of Alberta; 1997.
- **Zeng, Lulan, Ruihua Dang, Hong Dong, Fangyu Li, Hong Chen, et Chuzhao Lei.** 2019. « Genetic Diversity and Relationships of Chinese Donkeys Using Microsatellite Markers ». *Archives Animal Breeding* 62 (1): 181-87. <https://doi.org/10.5194/aab-62-181-2019>.

Annexe

ANNEXES

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

Les premières étapes de toute étude de biologie moléculaire nécessitent l'extraction d'ADN génomique, cette extraction peut se faire à partir de tissus de différents organes, de la peau, cependant, le sang est le matériel biologique duquel l'ADN est le plus souvent extrait, car il est plus simple à utiliser,

1 -Principe :

L'extraction d'ADN à partir du sang par la technique de NaCl nécessite d'abord une lyse des globules rouges par une solution hypotonique, suivie d'un choc thermique dans la glace (ceci permettra leur élimination). Ensuite, on procède à la lyse des lymphocytes afin que l'ADN soit libéré, Cet ADN sera ensuite traité par la protéase K qui le débarrassera de toutes les protéines qui lui sont liées. Enfin, l'ADN pur sera dissout dans un tampon adéquat,

2- Étapes de l'extraction de l'ADN :

L'extraction de l'ADN au NaCl nécessite les étapes suivantes :

a) Lyse des globules rouges

Dans un tube Falcon contenant 15 ml de sang total, on ajuste avec le tampon TE10/10 (Tris/HCL 10mM, EDTA 10mM, pH =8) jusqu'à un volume final de 30 ml,

Après une délicate homogénéisation, le tube est mis dans la glace pendant 30 mn (ceci provoquera un choc thermique qui fragilisera les membranes des globules rouges, ainsi, la solution hypotonique de TE provoquera l'éclatement de celles-ci) suivie d'une centrifugation à 2500 tours/mn pendant 15 mn, le surnageant est éliminé et le culot obtenu est suspendu dans 30 ml de TE. Pour une élimination maximale des globules rouges et une obtention d'un culot blanchâtre correspondant aux globules blancs, on procède à plusieurs lavages.

b) Lyse des globules blancs.

Au culot de lymphocytes obtenu, 1500 µl de solution de lyse (SLB : Tris/Hcl 10mM, EDTA 0,1 M, SDS 0,5 %, pH=8) sont ajoutés, Le SDS (Sodium Dodécyl Sulfate) contenu dans cette solution a pour rôle de solubiliser les lipides des membranes plasmiques afin de déstructurer ces dernières, inhiber les nucléases et dénaturer les protéines. Après re suspension de ce culot par une agitation rapide, 25 l µl de protéinase

K à 20mg/ml sont ajoutés afin qu'elle digère toutes les protéines associées à l'ADN.

c) *Précipitation de l'ADN.*

Une fois le tube retiré du bain-marie, 500 µl de solution NaCl 5M sont ajoutés à celui-ci, ce qui permettra une séparation de deux phases : □

- Une phase contenant de l'ADN
- Une phase contenant les débris membranaires des globules blancs.

Ceci est dû essentiellement à la compétition entre les ions salins ajoutés et les autres solutés dissous par la solvation des molécules, ainsi beaucoup de protéines indésirables (PK+ Débris cellulaires) sont éliminées de la solution après avoir été entraînées vers le fond du tube.

Le surnageant ainsi formé contient de l'ADN, c'est le phénomène de *Salting-Out* (**précipitation saline**). Après une agitation vigoureuse suivie d'une centrifugation à 4000tours/mn pendant 15 mn (pour que les deux phases soient séparées), le surnageant résultant est transféré dans un autre tube en évitant de décoller le culot, deux volumes d'éthanol absolu froid de celui du surnageant sont ajoutés dans le tube.

On remarque que dès l'ajout de l'éthanol, la solution devient blanchâtre et l'ADN commence à se précipiter (l'éthanol condense l'ADN), après une agitation douce, l'ADN se précipite sous forme de filaments qui se compactent rapidement en une masse blanchâtre visible à l'œil nu appelée méduse qui sera ensuite récupérée dans un tube eppendorf stérile, puis lavée à l'éthanol froid à 70 % et à 100 % et séchée, La dissolution de la méduse se fait dans 200 à 500 µl de tampon TE 10/1 (Tris/HCl : 10mM; EDTA : 1mM; pH=8,0) selon la taille de la méduse et à une agitation douce à température ambiante pendant au moins 24 h pour avoir enfin un ADN complètement dissout prêt à être utilisé (dosage, PCR...).

Annexe 2. quelques mensurations des paramètres morphométriques selon différents auteurs et leur pays

Auteurs	(Hannan i et al. 2020)	(Ayad et al. 2019)	(Khalee l et al. 2020)	(Djokovic et al. 2020)	(John, Akpa, et Iyiola- Tunji 2017)	(Stanisi c et al. 2020)	(Mostaf a et al. 2020)	ROAMBA,201 4	KABORE ,2014	AROU A et al,2020	KEFENA,201 1
Region	Lest algerien	Kabyli e	Nigeria	Serbia	North west Nigeria	serbia	Egypte	sénégal	burkinafas o	Tunisie	Ethiopie
LSI	115.76 ± 7.23	110.1 ± 5.9	64.0 + 0.16	115±11. 64	92.0±0.52	131.1 (6.9)	/	/	/	/	/
HG	110.15 ±	106.9	102.4 +	109.75±11.3	/	117.9	115 ± 5é	98,2 ± 4,2	100,2 ±	115,29	110 ,12

ANNEXES

	8.49	± 5.4	0.21	4		(6.5)			3,3	± 9,07	
TP	114.94 ± 6.78	118.5 ± 7.5	113.2 + 0.41	118.25±9.64	/	137.4 (7.5)	122 ± 6	108,9 ± 7,1	110,9 ± 4,8	125.09 ± 9,9	117,69
LH	/	/	/	/	/	/	/	/	/	/	32,86
LE	/	/	/	/	17.5±0.19	/	/	/	/	/	32,86cm
PC	13.93 ± 1.33	14.7 ± 1.1	/	12.41±1.9	/	/	/	/	/	/	/
LoT	40.79 ± 4.65	48.5 ± 3.3	44.0 + 0.15	/	39.9±0.29	54.9 (2.0)	/	/	/	37,2	47,46
LoO	26.06 ± 2.23 25.88 ± 2.05	24.4 ± 1.8	26.7 + 0.15	/	22.9±0.08	27.0 (1.8)	/	/	/	/	/
LQ	/	/	60.7 + 0.09	/	45.9±0.64	/	/	/	/	/	/
LAT	/	/	/	/	/	26.4 (3.1)	/	/	/	/	/
Pv	151.30 ± 25.45 /158.83 ± 26.77	144.3 ± 23.9 /171.5 ± 28.8	/	174.5±36.92	114.3±2.92	208.7 (28.0)	186 ± 24	123,8 ± 22,1	133,6 ± 16,5	201 ± 46	/

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

locus /pop	Adrar	Sidi Bel Abbès	El Bayadh	Naâma	Saïda	Aïn Témouchent	Tiaret	Tlemcen
AHT4	0,13540	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,06437	0,08698
AHT5	0,00000	0,00000	0,00000	0,00001	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
ASB17	0,00100	0,00100	0,00100	0,00001	0,00100	0,00100	0,00100	0,00003
ASB2	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
ASB23	0,00000	0,00000	0,00000	0,00041	0,00000	0,01937	0,00038	0,00000
CA425	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00033	0,00000

ANNEXES

HMS1	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00033	0,00000
HMS2	0,00000	0,06667	0,00000	0,00041	0,04402	0,00000	0,09003	0,04222
HMS3	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
HMS6	0,00050	0,20707	0,00000	0,10539	0,16919	0,25916	0,22002	0,15654
HMS7	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00033	0,01041
HTG10	0,00000	0,00000	0,00071	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
HTG4	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
HTG6	0,00100	0,00100	0,00100	0,00001	0,00100	0,00100	0,00002	0,00100
HTG7	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000
Lex3	0,08150	0,26052	0,00100	0,00000	0,33333	0,00000	0,00000	0,25034
VHL20	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,02088

Annexe 4. Déséquilibre d'association à l'échelle des 8 populations asines étudiées

Pop	Locus1 + Locus2	P-Value	S,E,
-----		-----	-----
Adrar	AHT5-ASB2	1,0000	-
Adrar	AHT5-ASB23	0,4001	0,0008
Adrar	ASB2-ASB23	0,4002	0,0007
Adrar	AHT5-CA425	0,0492	0,0011
Adrar	ASB2-CA425	1,0000	-
Adrar	ASB23-CA425	0,4037	0,0019
Adrar	AHT5-HMS2	0,2627	0,0033
Adrar	ASB2-HMS2	1,0000	-
Adrar	ASB23-HMS2	0,5989	0,0021

ANNEXES

Adrar	CA425-HMS2	0,2665	0,0029
Adrar	AHT5-HMS3	0,6997	0,0024
Adrar	ASB2-HMS3	1,0000	-
Adrar	ASB23-HMS3	0,3996	0,0017
Adrar	CA425-HMS3	0,6963	0,0032
Adrar	HMS2-HMS3	0,1929	0,0045
Adrar	AHT5-HMS7	0,7986	0,0016
Adrar	ASB2-HMS7	1,0000	-
Adrar	ASB23-HMS7	0,4013	0,0008
Adrar	CA425-HMS7	0,7978	0,0017
Adrar	HMS2-HMS7	1,0000	-
Adrar	HMS3-HMS7	0,7057	0,0024
Adrar	AHT5-HTG10	1,0000	-
Adrar	ASB2-HTG10	0,0690	0,0010
Adrar	ASB23-HTG10	0,4034	0,0016
Adrar	CA425-HTG10	1,0000	-
Adrar	HMS2-HTG10	1,0000	-
Adrar	HMS3-HTG10	0,8058	0,0024
Adrar	HMS7-HTG10	1,0000	-
Adrar	AHT5-Lex3	0,8015	0,0019
Adrar	ASB2-Lex3	1,0000	-
Adrar	ASB23-Lex3	0,3998	0,0008
Adrar	CA425-Lex3	0,8018	0,0016
Adrar	HMS2-Lex3	1,0000	-
Adrar	HMS3-Lex3	0,7022	0,0027

ANNEXES

Adrar	HMS7-Lex3	0,0164	0,0006
Adrar	HTG10-Lex3	1,0000	-
Adrar	AHT5-VHL20	0,4665	0,0029
Adrar	ASB2-VHL20	1,0000	-
Adrar	ASB23-VHL20	0,5993	0,0021
Adrar	CA425-VHL20	0,0665	0,0015
Adrar	HMS2-VHL20	0,1368	0,0034
Adrar	HMS3-VHL20	0,4062	0,0047
Adrar	HMS7-VHL20	1,0000	-
Adrar	HTG10-VHL20	1,0000	-
Adrar	Lex3-VHL20	1,0000	-
Sidi Bel Abbès	AHT4-AHT5	0,1632	0,0026
Sidi Bel Abbès	AHT4-ASB2	1,0000	-
Sidi Bel Abbès	AHT5-ASB2	1,0000	-
Sidi Bel Abbès	AHT4-CA425	0,2134	0,0035
Sidi Bel Abbès	AHT5-CA425	0,2860	0,0025
Sidi Bel Abbès	ASB2-CA425	0,6772	0,0029
Sidi Bel Abbès	AHT4-HMS1	0,9272	0,0031
Sidi Bel Abbès	AHT5-HMS1	0,6303	0,0046
Sidi Bel Abbès	ASB2-HMS1	0,8585	0,0031
Sidi Bel Abbès	CA425-HMS1	0,4626	0,0035
Sidi Bel Abbès	AHT4-HMS2	0,9253	0,0028
Sidi Bel Abbès	AHT5-HMS2	0,6440	0,0042
Sidi Bel Abbès	ASB2-HMS2	0,8574	0,0033
Sidi Bel Abbès	CA425-HMS2	0,4613	0,0032

ANNEXES

Sidi Bel Abbès	HMS1-HMS2	0,0033	0,0009
Sidi Bel Abbès	AHT4-HMS3	0,7653	0,0039
Sidi Bel Abbès	AHT5-HMS3	0,5724	0,0030
Sidi Bel Abbès	ASB2-HMS3	0,1208	0,0025
Sidi Bel Abbès	CA425-HMS3	0,1076	0,0017
Sidi Bel Abbès	HMS1-HMS3	0,0220	0,0017
Sidi Bel Abbès	HMS2-HMS3	0,0241	0,0016
Sidi Bel Abbès	AHT4-HMS6	1,0000	-
Sidi Bel Abbès	AHT5-HMS6	0,6661	0,0026
Sidi Bel Abbès	ASB2-HMS6	1,0000	-
Sidi Bel Abbès	CA425-HMS6	0,5997	0,0022
Sidi Bel Abbès	HMS1-HMS6	0,6671	0,0022
Sidi Bel Abbès	HMS2-HMS6	0,6701	0,0020
Sidi Bel Abbès	HMS3-HMS6	0,4691	0,0020
Sidi Bel Abbès	AHT4-HMS7	0,2026	0,0028
Sidi Bel Abbès	AHT5-HMS7	0,4855	0,0023
Sidi Bel Abbès	ASB2-HMS7	1,0000	-
Sidi Bel Abbès	CA425-HMS7	1,0000	-
Sidi Bel Abbès	HMS1-HMS7	0,3285	0,0047
Sidi Bel Abbès	HMS2-HMS7	0,3335	0,0047
Sidi Bel Abbès	HMS3-HMS7	0,7793	0,0024
Sidi Bel Abbès	HMS6-HMS7	0,4681	0,0023
Sidi Bel Abbès	AHT4-HTG10	0,5082	0,0030
Sidi Bel Abbès	AHT5-HTG10	0,2053	0,0018
Sidi Bel Abbès	ASB2-HTG10	0,2830	0,0027

ANNEXES

Sidi Bel Abbès	CA425-HTG10	0,1082	0,0019
Sidi Bel Abbès	HMS1-HTG10	0,1191	0,0028
Sidi Bel Abbès	HMS2-HTG10	0,1220	0,0032
Sidi Bel Abbès	HMS3-HTG10	0,0158	0,0008
Sidi Bel Abbès	HMS6-HTG10	0,3969	0,0039
Sidi Bel Abbès	HMS7-HTG10	0,5858	0,0026
Sidi Bel Abbès	AHT4-HTG4	0,2366	0,0017
Sidi Bel Abbès	AHT5-HTG4	0,0466	0,0006
Sidi Bel Abbès	ASB2-HTG4	0,2862	0,0018
Sidi Bel Abbès	CA425-HTG4	0,4282	0,0010
Sidi Bel Abbès	HMS1-HTG4	0,5230	0,0018
Sidi Bel Abbès	HMS2-HTG4	0,5236	0,0018
Sidi Bel Abbès	HMS3-HTG4	0,3639	0,0018
Sidi Bel Abbès	HMS6-HTG4	0,6699	0,0022
Sidi Bel Abbès	HMS7-HTG4	0,4443	0,0013
Sidi Bel Abbès	HTG10-HTG4	0,5228	0,0012
Sidi Bel Abbès	AHT4-HTG7	0,7335	0,0019
Sidi Bel Abbès	AHT5-HTG7	1,0000	-
Sidi Bel Abbès	ASB2-HTG7	0,3790	0,0020
Sidi Bel Abbès	CA425-HTG7	0,2483	0,0017
Sidi Bel Abbès	HMS1-HTG7	0,0358	0,0009
Sidi Bel Abbès	HMS2-HTG7	0,0314	0,0009
Sidi Bel Abbès	HMS3-HTG7	0,1658	0,0017
Sidi Bel Abbès	HMS6-HTG7	0,6675	0,0022
Sidi Bel Abbès	HMS7-HTG7	1,0000	-

ANNEXES

Sidi Bel Abbès	HTG10-HTG7	0,6257	0,0013
Sidi Bel Abbès	HTG4-HTG7	1,0000	-
Sidi Bel Abbès	AHT4-Lex3	0,1158	0,0038
Sidi Bel Abbès	AHT5-Lex3	0,4528	0,0032
Sidi Bel Abbès	ASB2-Lex3	0,6557	0,0042
Sidi Bel Abbès	CA425-Lex3	0,6753	0,0029
Sidi Bel Abbès	HMS1-Lex3	0,1607	0,0037
Sidi Bel Abbès	HMS2-Lex3	0,1622	0,0038
Sidi Bel Abbès	HMS3-Lex3	0,2352	0,0031
Sidi Bel Abbès	HMS6-Lex3	1,0000	-
Sidi Bel Abbès	HMS7-Lex3	0,0056	0,0005
Sidi Bel Abbès	HTG10-Lex3	0,5102	0,0034
Sidi Bel Abbès	HTG4-Lex3	0,5751	0,0017
Sidi Bel Abbès	HTG7-Lex3	0,5510	0,0022
Sidi Bel Abbès	AHT4-VHL20	0,9239	0,0010
Sidi Bel Abbès	AHT5-VHL20	0,7163	0,0012
Sidi Bel Abbès	ASB2-VHL20	0,0706	0,0011
Sidi Bel Abbès	CA425-VHL20	0,4646	0,0016
Sidi Bel Abbès	HMS1-VHL20	0,0049	0,0003
Sidi Bel Abbès	HMS2-VHL20	0,0046	0,0003
Sidi Bel Abbès	HMS3-VHL20	0,0240	0,0007
Sidi Bel Abbès	HMS6-VHL20	0,6667	0,0024
Sidi Bel Abbès	HMS7-VHL20	0,6670	0,0012
Sidi Bel Abbès	HTG10-VHL20	0,0330	0,0007
Sidi Bel Abbès	HTG4-VHL20	0,5234	0,0008

ANNEXES

Sidi Bel Abbès	HTG7-VHL20	0,0330	0,0004
Sidi Bel Abbès	Lex3-VHL20	0,3574	0,0020
Naâma	AHT4-AHT5	0,4995	0,0020
Naâma	AHT4-ASB17	0,4933	0,0027
Naâma	AHT5-ASB17	0,1659	0,0007
Naâma	AHT4-ASB2	0,4059	0,0036
Naâma	AHT5-ASB2	0,3327	0,0018
Naâma	ASB17-ASB2	0,3311	0,0019
Naâma	AHT4-ASB23	0,5027	0,0023
Naâma	AHT5-ASB23	0,1659	0,0009
Naâma	ASB17-ASB23	0,1671	0,0008
Naâma	ASB2-ASB23	0,3337	0,0019
Naâma	AHT4-HMS1	0,8030	0,0026
Naâma	AHT5-HMS1	0,3341	0,0018
Naâma	ASB17-HMS1	0,3298	0,0019
Naâma	ASB2-HMS1	0,7343	0,0026
Naâma	ASB23-HMS1	0,3354	0,0017
Naâma	AHT4-HMS2	0,4983	0,0024
Naâma	AHT5-HMS2	0,1664	0,0007
Naâma	ASB17-HMS2	0,1654	0,0008
Naâma	ASB2-HMS2	0,3305	0,0017
Naâma	ASB23-HMS2	0,1657	0,0008
Naâma	HMS1-HMS2	0,3341	0,0019
Naâma	AHT4-HMS3	0,8028	0,0024
Naâma	AHT5-HMS3	0,3308	0,0018

ANNEXES

Naâma	ASB17-HMS3	0,3338	0,0016
Naâma	ASB2-HMS3	0,7311	0,0025
Naâma	ASB23-HMS3	0,3370	0,0017
Naâma	HMS1-HMS3	0,6000	0,0025
Naâma	HMS2-HMS3	0,3361	0,0016
Naâma	AHT4-HMS6	1,0000	-
Naâma	AHT5-HMS6	0,6013	0,0023
Naâma	ASB17-HMS6	0,5988	0,0020
Naâma	ASB2-HMS6	1,0000	-
Naâma	ASB23-HMS6	0,6039	0,0020
Naâma	HMS2-HMS6	0,6023	0,0022
Naâma	HMS3-HMS6	1,0000	-
Naâma	AHT4-HTG10	1,0000	-
Naâma	AHT5-HTG10	1,0000	-
Naâma	ASB17-HTG10	1,0000	-
Naâma	ASB2-HTG10	0,6008	0,0014
Naâma	ASB23-HTG10	1,0000	-
Naâma	HMS1-HTG10	1,0000	-
Naâma	HMS2-HTG10	1,0000	-
Naâma	HMS3-HTG10	0,4003	0,0013
Naâma	HMS6-HTG10	0,4001	0,0017
Naâma	AHT4-HTG4	1,0000	-
Naâma	AHT5-HTG4	0,3342	0,0010
Naâma	ASB17-HTG4	0,3327	0,0008
Naâma	ASB2-HTG4	0,7337	0,0014

ANNEXES

Naâma	ASB23-HTG4	0,3335	0,0008
Naâma	HMS1-HTG4	0,5998	0,0017
Naâma	HMS2-HTG4	0,3338	0,0010
Naâma	HMS3-HTG4	0,0660	0,0006
Naâma	HMS6-HTG4	1,0000	-
Naâma	HTG10-HTG4	0,3997	0,0008
Naâma	AHT4-HTG6	0,4983	0,0020
Naâma	AHT5-HTG6	0,1669	0,0009
Naâma	ASB17-HTG6	0,1675	0,0008
Naâma	ASB2-HTG6	0,3313	0,0018
Naâma	ASB23-HTG6	0,1658	0,0009
Naâma	HMS1-HTG6	0,3332	0,0017
Naâma	HMS2-HTG6	0,1681	0,0008
Naâma	HMS3-HTG6	0,3339	0,0017
Naâma	HMS6-HTG6	0,6018	0,0020
Naâma	HTG10-HTG6	1,0000	-
Naâma	HTG4-HTG6	0,3330	0,0009
Naâma	AHT4-HTG7	0,4983	0,0025
Naâma	AHT5-HTG7	0,1671	0,0008
Naâma	ASB17-HTG7	0,1675	0,0008
Naâma	ASB2-HTG7	0,3332	0,0015
Naâma	ASB23-HTG7	0,1678	0,0009
Naâma	HMS1-HTG7	0,3340	0,0018
Naâma	HMS2-HTG7	0,1655	0,0009
Naâma	HMS3-HTG7	0,3344	0,0019

ANNEXES

Naâma	HMS6-HTG7	0,5998	0,0023
Naâma	HTG10-HTG7	1,0000	-
Naâma	HTG4-HTG7	0,3312	0,0010
Naâma	HTG6-HTG7	0,1668	0,0008
Naâma	AHT4-Lex3	0,0476	0,0022
Naâma	AHT5-Lex3	0,4997	0,0023
Naâma	ASB17-Lex3	0,4951	0,0022
Naâma	ASB2-Lex3	0,3993	0,0041
Naâma	ASB23-Lex3	0,4985	0,0025
Naâma	HMS1-Lex3	0,7986	0,0021
Naâma	HMS2-Lex3	0,4986	0,0022
Naâma	HMS3-Lex3	0,8050	0,0025
Naâma	HMS6-Lex3	1,0000	-
Naâma	HTG10-Lex3	1,0000	-
Naâma	HTG4-Lex3	1,0000	-
Naâma	HTG6-Lex3	0,5002	0,0021
Naâma	HTG7-Lex3	0,5000	0,0026
Naâma	AHT4-VHL20	1,0000	-
Naâma	AHT5-VHL20	1,0000	-
Naâma	ASB17-VHL20	1,0000	-
Naâma	ASB2-VHL20	0,1983	0,0013
Naâma	ASB23-VHL20	1,0000	-
Naâma	HMS1-VHL20	1,0000	-
Naâma	HMS2-VHL20	1,0000	-
Naâma	HMS3-VHL20	0,5994	0,0015

ANNEXES

Naâma	HMS6-VHL20	1,0000	-
Naâma	HTG10-VHL20	1,0000	-
Naâma	HTG4-VHL20	1,0000	-
Naâma	HTG6-VHL20	1,0000	-
Naâma	HTG7-VHL20	1,0000	-
Naâma	Lex3-VHL20	1,0000	-
Saïda	AHT4-AHT5	0,8035	0,0026
Saïda	AHT4-ASB2	1,0000	-
Saïda	AHT5-ASB2	0,8080	0,0027
Saïda	AHT4-ASB23	0,5764	0,0033
Saïda	AHT5-ASB23	0,1459	0,0018
Saïda	ASB2-ASB23	0,5822	0,0036
Saïda	AHT4-CA425	1,0000	-
Saïda	AHT5-CA425	0,1678	0,0009
Saïda	ASB2-CA425	1,0000	-
Saïda	ASB23-CA425	0,3351	0,0019
Saïda	AHT4-HMS1	0,3343	0,0016
Saïda	AHT5-HMS1	1,0000	-
Saïda	ASB2-HMS1	1,0000	-
Saïda	ASB23-HMS1	1,0000	-
Saïda	CA425-HMS1	1,0000	-
Saïda	AHT4-HMS2	0,2816	0,0055
Saïda	AHT5-HMS2	0,2932	0,0040
Saïda	ASB2-HMS2	1,0000	-
Saïda	ASB23-HMS2	0,1152	0,0028

ANNEXES

Saïda	CA425-HMS2	0,5016	0,0024
Saïda	HMS1-HMS2	0,4999	0,0026
Saïda	AHT4-HMS3	0,1996	0,0015
Saïda	AHT5-HMS3	0,1413	0,0009
Saïda	ASB2-HMS3	0,6572	0,0018
Saïda	ASB23-HMS3	0,2562	0,0012
Saïda	CA425-HMS3	0,3319	0,0008
Saïda	HMS1-HMS3	1,0000	-
Saïda	HMS2-HMS3	1,0000	-
Saïda	AHT4-HMS7	0,1432	0,0025
Saïda	AHT5-HMS7	1,0000	-
Saïda	ASB2-HMS7	0,8126	0,0025
Saïda	ASB23-HMS7	0,3333	0,0024
Saïda	CA425-HMS7	1,0000	-
Saïda	HMS1-HMS7	0,3377	0,0017
Saïda	HMS2-HMS7	0,2856	0,0045
Saïda	HMS3-HMS7	1,0000	-
Saïda	AHT4-HTG10	0,0268	0,0014
Saïda	AHT5-HTG10	0,7128	0,0036
Saïda	ASB2-HTG10	0,5477	0,0055
Saïda	ASB23-HTG10	0,3750	0,0037
Saïda	CA425-HTG10	1,0000	-
Saïda	HMS1-HTG10	0,3326	0,0017
Saïda	HMS2-HTG10	0,1141	0,0036
Saïda	HMS3-HTG10	1,0000	-

ANNEXES

Saïda	HMS7-HTG10	0,1412	0,0026
Saïda	AHT4-HTG4	0,4281	0,0021
Saïda	AHT5-HTG4	1,0000	-
Saïda	ASB2-HTG4	1,0000	-
Saïda	ASB23-HTG4	1,0000	-
Saïda	CA425-HTG4	1,0000	-
Saïda	HMS1-HTG4	0,1678	0,0009
Saïda	HMS2-HTG4	0,5689	0,0025
Saïda	HMS3-HTG4	1,0000	-
Saïda	HMS7-HTG4	0,2879	0,0017
Saïda	HTG10-HTG4	0,4292	0,0024
Saïda	AHT4-HTG7	0,4270	0,0021
Saïda	AHT5-HTG7	0,2900	0,0021
Saïda	ASB2-HTG7	0,4257	0,0021
Saïda	ASB23-HTG7	0,4274	0,0018
Saïda	HMS2-HTG7	0,5695	0,0028
Saïda	HMS3-HTG7	0,4282	0,0007
Saïda	HMS7-HTG7	1,0000	-
Saïda	HTG10-HTG7	0,4285	0,0023
Saïda	HTG4-HTG7	1,0000	-
Saïda	AHT4-Lex3	0,6014	0,0014
Saïda	AHT5-Lex3	1,0000	-
Saïda	ASB2-Lex3	1,0000	-
Saïda	ASB23-Lex3	0,4023	0,0011
Saïda	CA425-Lex3	1,0000	-

ANNEXES

Saïda	HMS1-Lex3	1,0000	-
Saïda	HMS2-Lex3	0,1012	0,0011
Saïda	HMS3-Lex3	1,0000	-
Saïda	HMS7-Lex3	0,3996	0,0011
Saïda	HTG10-Lex3	0,3986	0,0011
Saïda	HTG4-Lex3	1,0000	-
Saïda	AHT4-VHL20	0,4278	0,0020
Saïda	AHT5-VHL20	1,0000	-
Saïda	ASB2-VHL20	0,4288	0,0022
Saïda	ASB23-VHL20	0,1434	0,0011
Saïda	CA425-VHL20	1,0000	-
Saïda	HMS1-VHL20	1,0000	-
Saïda	HMS2-VHL20	0,5718	0,0026
Saïda	HMS3-VHL20	1,0000	-
Saïda	HMS7-VHL20	0,2885	0,0015
Saïda	HTG10-VHL20	0,4322	0,0024
Saïda	HTG4-VHL20	1,0000	-
Saïda	HTG7-VHL20	1,0000	-
Saïda	Lex3-VHL20	1,0000	-
Aïn Témouchent	AHT4-AHT5	0,5314	0,0055
Aïn Témouchent	AHT4-ASB2	0,5276	0,0064
Aïn Témouchent	AHT5-ASB2	0,0404	0,0023
Aïn Témouchent	AHT4-ASB23	0,5530	0,0039
Aïn Témouchent	AHT5-ASB23	0,0662	0,0019
Aïn Témouchent	ASB2-ASB23	0,1325	0,0037

ANNEXES

Aïn Témouchent	AHT4-CA425	0,8313	0,0023
Aïn Témouchent	AHT5-CA425	0,4771	0,0026
Aïn Témouchent	ASB2-CA425	0,6664	0,0032
Aïn Témouchent	ASB23-CA425	1,0000	-
Aïn Témouchent	AHT4-HMS1	0,4304	0,0021
Aïn Témouchent	AHT5-HMS1	1,0000	-
Aïn Témouchent	ASB2-HMS1	0,8108	0,0013
Aïn Témouchent	ASB23-HMS1	1,0000	-
Aïn Témouchent	CA425-HMS1	0,4673	0,0013
Aïn Témouchent	AHT4-HMS2	0,7830	0,0041
Aïn Témouchent	AHT5-HMS2	0,0647	0,0022
Aïn Témouchent	ASB2-HMS2	0,6709	0,0044
Aïn Témouchent	ASB23-HMS2	0,3766	0,0037
Aïn Témouchent	CA425-HMS2	1,0000	-
Aïn Témouchent	HMS1-HMS2	1,0000	-
Aïn Témouchent	AHT4-HMS3	0,8455	0,0023
Aïn Témouchent	AHT5-HMS3	0,2224	0,0025
Aïn Témouchent	ASB2-HMS3	0,4181	0,0039
Aïn Témouchent	ASB23-HMS3	0,1328	0,0010
Aïn Témouchent	CA425-HMS3	0,0164	0,0006
Aïn Témouchent	HMS1-HMS3	0,2007	0,0012
Aïn Témouchent	HMS2-HMS3	0,6658	0,0014
Aïn Témouchent	AHT4-HMS6	0,6163	0,0066
Aïn Témouchent	AHT5-HMS6	0,9327	0,0028
Aïn Témouchent	ASB2-HMS6	0,7835	0,0057

ANNEXES

Aïn Témouchent	ASB23-HMS6	0,7309	0,0035
Aïn Témouchent	CA425-HMS6	1,0000	-
Aïn Témouchent	HMS1-HMS6	0,9069	0,0012
Aïn Témouchent	HMS2-HMS6	1,0000	-
Aïn Témouchent	HMS3-HMS6	0,4474	0,0024
Aïn Témouchent	AHT4-HMS7	0,0839	0,0021
Aïn Témouchent	AHT5-HMS7	0,3606	0,0039
Aïn Témouchent	ASB2-HMS7	0,5129	0,0041
Aïn Témouchent	ASB23-HMS7	0,3856	0,0035
Aïn Témouchent	CA425-HMS7	0,0653	0,0009
Aïn Témouchent	HMS1-HMS7	1,0000	-
Aïn Témouchent	HMS2-HMS7	1,0000	-
Aïn Témouchent	HMS3-HMS7	0,0899	0,0013
Aïn Témouchent	HMS6-HMS7	0,7316	0,0039
Aïn Témouchent	AHT4-HTG10	0,4452	0,0076
Aïn Témouchent	AHT5-HTG10	0,4613	0,0071
Aïn Témouchent	ASB2-HTG10	0,6646	0,0074
Aïn Témouchent	ASB23-HTG10	0,5254	0,0042
Aïn Témouchent	CA425-HTG10	0,1850	0,0030
Aïn Témouchent	HMS1-HTG10	0,3322	0,0019
Aïn Témouchent	HMS2-HTG10	1,0000	-
Aïn Témouchent	HMS3-HTG10	0,1207	0,0027
Aïn Témouchent	HMS6-HTG10	0,4393	0,0062
Aïn Témouchent	HMS7-HTG10	0,0243	0,0014
Aïn Témouchent	AHT4-HTG4	0,5473	0,0031

ANNEXES

Aïn Témouchent	AHT5-HTG4	0,1823	0,0016
Aïn Témouchent	ASB2-HTG4	1,0000	-
Aïn Témouchent	ASB23-HTG4	1,0000	-
Aïn Témouchent	CA425-HTG4	1,0000	-
Aïn Témouchent	HMS1-HTG4	1,0000	-
Aïn Témouchent	HMS2-HTG4	0,1993	0,0018
Aïn Témouchent	HMS3-HTG4	1,0000	-
Aïn Témouchent	HMS6-HTG4	1,0000	-
Aïn Témouchent	HMS7-HTG4	1,0000	-
Aïn Témouchent	HTG10-HTG4	1,0000	-
Aïn Témouchent	AHT4-HTG7	0,2696	0,0025
Aïn Témouchent	AHT5-HTG7	0,1091	0,0015
Aïn Témouchent	ASB2-HTG7	0,1821	0,0026
Aïn Témouchent	ASB23-HTG7	0,2005	0,0017
Aïn Témouchent	CA425-HTG7	0,0987	0,0009
Aïn Témouchent	HMS1-HTG7	0,3999	0,0008
Aïn Témouchent	HMS2-HTG7	1,0000	-
Aïn Témouchent	HMS3-HTG7	0,0722	0,0006
Aïn Témouchent	HMS6-HTG7	0,3995	0,0029
Aïn Témouchent	HMS7-HTG7	0,0532	0,0007
Aïn Témouchent	HTG10-HTG7	0,1089	0,0020
Aïn Témouchent	HTG4-HTG7	1,0000	-
Aïn Témouchent	AHT4-Lex3	0,6510	0,0045
Aïn Témouchent	AHT5-Lex3	0,5854	0,0046
Aïn Témouchent	ASB2-Lex3	0,2896	0,0053

ANNEXES

Aïn Témouchent	ASB23-Lex3	1,0000	-
Aïn Témouchent	CA425-Lex3	0,8052	0,0029
Aïn Témouchent	HMS1-Lex3	0,6169	0,0019
Aïn Témouchent	HMS2-Lex3	0,7303	0,0042
Aïn Témouchent	HMS3-Lex3	0,6786	0,0035
Aïn Témouchent	HMS6-Lex3	0,7156	0,0063
Aïn Témouchent	HMS7-Lex3	1,0000	-
Aïn Témouchent	HTG10-Lex3	0,5027	0,0066
Aïn Témouchent	HTG4-Lex3	0,3013	0,0021
Aïn Témouchent	HTG7-Lex3	0,4973	0,0033
Aïn Témouchent	AHT4-VHL20	0,5445	0,0022
Aïn Témouchent	AHT5-VHL20	0,5316	0,0015
Aïn Témouchent	ASB2-VHL20	0,3177	0,0018
Aïn Témouchent	ASB23-VHL20	1,0000	-
Aïn Témouchent	CA425-VHL20	1,0000	-
Aïn Témouchent	HMS1-VHL20	0,5712	0,0008
Aïn Témouchent	HMS2-VHL20	0,6658	0,0014
Aïn Témouchent	HMS3-VHL20	0,7276	0,0010
Aïn Témouchent	HMS6-VHL20	0,4477	0,0020
Aïn Témouchent	HMS7-VHL20	1,0000	-
Aïn Témouchent	HTG10-VHL20	1,0000	-
Aïn Témouchent	HTG4-VHL20	0,3637	0,0008
Aïn Témouchent	HTG7-VHL20	0,4902	0,0006
Aïn Témouchent	Lex3-VHL20	0,6180	0,0020
Tiaret	AHT4-AHT5	0,5658	0,0014

ANNEXES

Tiaret	AHT4-ASB2	1,0000	-
Tiaret	AHT5-ASB2	0,4286	0,0018
Tiaret	AHT4-ASB23	1,0000	-
Tiaret	AHT5-ASB23	0,2862	0,0010
Tiaret	ASB2-ASB23	0,4296	0,0022
Tiaret	AHT4-CA425	0,1662	0,0032
Tiaret	AHT5-CA425	0,0484	0,0009
Tiaret	ASB2-CA425	0,5709	0,0036
Tiaret	ASB23-CA425	1,0000	-
Tiaret	AHT4-HMS1	1,0000	-
Tiaret	AHT5-HMS1	0,1675	0,0011
Tiaret	ASB2-HMS1	0,5699	0,0037
Tiaret	ASB23-HMS1	0,1437	0,0007
Tiaret	CA425-HMS1	0,5778	0,0041
Tiaret	AHT4-HMS2	0,0655	0,0015
Tiaret	AHT5-HMS2	0,7109	0,0012
Tiaret	ASB2-HMS2	0,4257	0,0018
Tiaret	ASB23-HMS2	1,0000	-
Tiaret	CA425-HMS2	0,1407	0,0020
Tiaret	HMS1-HMS2	1,0000	-
Tiaret	AHT4-HMS3	0,3501	0,0030
Tiaret	AHT5-HMS3	0,3612	0,0014
Tiaret	ASB2-HMS3	0,8591	0,0020
Tiaret	ASB23-HMS3	0,2826	0,0017
Tiaret	CA425-HMS3	0,4012	0,0034

ANNEXES

Tiaret	HMS1-HMS3	0,1674	0,0021
Tiaret	HMS2-HMS3	0,8086	0,0016
Tiaret	AHT4-HMS6	0,6321	0,0041
Tiaret	AHT5-HMS6	0,4287	0,0016
Tiaret	ASB2-HMS6	1,0000	-
Tiaret	ASB23-HMS6	0,4250	0,0022
Tiaret	CA425-HMS6	0,5755	0,0039
Tiaret	HMS1-HMS6	0,2528	0,0017
Tiaret	HMS2-HMS6	1,0000	-
Tiaret	HMS3-HMS6	0,2830	0,0027
Tiaret	AHT4-HMS7	0,2250	0,0015
Tiaret	AHT5-HMS7	0,4453	0,0008
Tiaret	CA425-HMS7	0,3335	0,0022
Tiaret	HMS1-HMS7	1,0000	-
Tiaret	HMS2-HMS7	0,1086	0,0009
Tiaret	HMS3-HMS7	0,4452	0,0018
Tiaret	HMS6-HMS7	1,0000	-
Tiaret	AHT4-HTG10	0,3154	0,0039
Tiaret	AHT5-HTG10	0,5238	0,0017
Tiaret	ASB2-HTG10	0,8622	0,0019
Tiaret	ASB23-HTG10	0,2867	0,0008
Tiaret	CA425-HTG10	0,1087	0,0027
Tiaret	HMS1-HTG10	0,1666	0,0027
Tiaret	HMS2-HTG10	0,1078	0,0017
Tiaret	HMS3-HTG10	0,2212	0,0026

ANNEXES

Tiaret	HMS6-HTG10	0,8550	0,0020
Tiaret	HMS7-HTG10	0,2205	0,0019
Tiaret	AHT4-HTG4	0,2235	0,0016
Tiaret	AHT5-HTG4	0,4437	0,0008
Tiaret	CA425-HTG4	0,3357	0,0026
Tiaret	HMS1-HTG4	1,0000	-
Tiaret	HMS2-HTG4	0,1120	0,0009
Tiaret	HMS3-HTG4	0,4438	0,0018
Tiaret	HMS6-HTG4	1,0000	-
Tiaret	HMS7-HTG4	0,1096	0,0006
Tiaret	HTG10-HTG4	0,2201	0,0016
Tiaret	AHT4-HTG6	1,0000	-
Tiaret	AHT5-HTG6	0,4438	0,0007
Tiaret	ASB2-HTG6	0,2472	0,0019
Tiaret	ASB23-HTG6	0,1431	0,0007
Tiaret	CA425-HTG6	1,0000	-
Tiaret	HMS1-HTG6	0,2198	0,0017
Tiaret	HMS2-HTG6	1,0000	-
Tiaret	HMS3-HTG6	0,4455	0,0018
Tiaret	HMS6-HTG6	0,2502	0,0019
Tiaret	HMS7-HTG6	1,0000	-
Tiaret	HTG10-HTG6	0,4444	0,0023
Tiaret	HTG4-HTG6	1,0000	-
Tiaret	AHT4-HTG7	1,0000	-
Tiaret	AHT5-HTG7	0,4438	0,0008

ANNEXES

Tiaret	ASB2-HTG7	0,2476	0,0021
Tiaret	ASB23-HTG7	0,1430	0,0008
Tiaret	CA425-HTG7	1,0000	-
Tiaret	HMS1-HTG7	0,2214	0,0016
Tiaret	HMS2-HTG7	1,0000	-
Tiaret	HMS3-HTG7	0,4459	0,0017
Tiaret	HMS6-HTG7	0,2455	0,0017
Tiaret	HMS7-HTG7	1,0000	-
Tiaret	HTG10-HTG7	0,4456	0,0028
Tiaret	HTG4-HTG7	1,0000	-
Tiaret	HTG6-HTG7	0,1118	0,0007
Tiaret	AHT4-Lex3	1,0000	-
Tiaret	AHT5-Lex3	0,1665	0,0017
Tiaret	ASB2-Lex3	1,0000	-
Tiaret	ASB23-Lex3	0,2872	0,0018
Tiaret	CA425-Lex3	0,2388	0,0067
Tiaret	HMS1-Lex3	0,1639	0,0035
Tiaret	HMS2-Lex3	0,3199	0,0035
Tiaret	HMS3-Lex3	0,3408	0,0037
Tiaret	HMS6-Lex3	1,0000	-
Tiaret	HMS7-Lex3	0,4411	0,0027
Tiaret	HTG10-Lex3	0,0170	0,0012
Tiaret	HTG4-Lex3	0,4466	0,0028
Tiaret	HTG6-Lex3	0,4471	0,0030
Tiaret	HTG7-Lex3	0,4455	0,0028

ANNEXES

Tiaret	AHT4-VHL20	0,5254	0,0036
Tiaret	AHT5-VHL20	1,0000	-
Tiaret	ASB2-VHL20	0,8590	0,0021
Tiaret	ASB23-VHL20	1,0000	-
Tiaret	CA425-VHL20	0,4008	0,0050
Tiaret	HMS1-VHL20	1,0000	-
Tiaret	HMS2-VHL20	0,5895	0,0028
Tiaret	HMS3-VHL20	0,5759	0,0032
Tiaret	HMS6-VHL20	0,6262	0,0043
Tiaret	HMS7-VHL20	0,2224	0,0019
Tiaret	HTG10-VHL20	0,7257	0,0040
Tiaret	HTG4-VHL20	0,2187	0,0017
Tiaret	HTG6-VHL20	1,0000	-
Tiaret	HTG7-VHL20	1,0000	-
Tiaret	Lex3-VHL20	0,8212	0,0041
Tlemcen	AHT4-AHT5	0,1738	0,0067
Tlemcen	AHT4-ASB17	0,6401	0,0042
Tlemcen	AHT5-ASB17	0,1440	0,0016
Tlemcen	AHT4-ASB2	0,8309	0,0047
Tlemcen	AHT5-ASB2	0,9317	0,0023
Tlemcen	ASB17-ASB2	0,5406	0,0026
Tlemcen	AHT4-ASB23	0,2997	0,0066
Tlemcen	AHT5-ASB23	0,1457	0,0030
Tlemcen	ASB2-ASB23	0,4670	0,0058
Tlemcen	AHT4-CA425	0,0268	0,0032

ANNEXES

Tlemcen	AHT5-CA425	0,0947	0,0041
Tlemcen	ASB17-CA425	0,3596	0,0029
Tlemcen	ASB2-CA425	0,9320	0,0022
Tlemcen	ASB23-CA425	0,0514	0,0021
Tlemcen	AHT4-HMS1	0,0043	0,0011
Tlemcen	AHT5-HMS1	0,1770	0,0056
Tlemcen	ASB17-HMS1	0,2826	0,0029
Tlemcen	ASB2-HMS1	0,8836	0,0035
Tlemcen	ASB23-HMS1	0,1490	0,0027
Tlemcen	CA425-HMS1	0,0023	0,0006
Tlemcen	AHT4-HMS2	0,0028	0,0010
Tlemcen	AHT5-HMS2	0,0614	0,0032
Tlemcen	ASB17-HMS2	0,5034	0,0035
Tlemcen	ASB2-HMS2	0,8949	0,0034
Tlemcen	ASB23-HMS2	0,2811	0,0069
Tlemcen	CA425-HMS2	0,0041	0,0010
Tlemcen	HMS1-HMS2	0,0014	0,0006
Tlemcen	AHT4-HMS3	0,3062	0,0055
Tlemcen	AHT5-HMS3	0,8832	0,0027
Tlemcen	ASB17-HMS3	0,4303	0,0026
Tlemcen	ASB2-HMS3	0,0217	0,0013
Tlemcen	ASB23-HMS3	0,4025	0,0040
Tlemcen	CA425-HMS3	0,4546	0,0055
Tlemcen	HMS1-HMS3	0,1232	0,0040
Tlemcen	HMS2-HMS3	0,1105	0,0033

ANNEXES

Tlemcen	AHT4-HMS6	0,1325	0,0071
Tlemcen	AHT5-HMS6	0,3843	0,0063
Tlemcen	ASB17-HMS6	0,7688	0,0027
Tlemcen	ASB2-HMS6	0,9111	0,0028
Tlemcen	ASB23-HMS6	0,2198	0,0044
Tlemcen	CA425-HMS6	0,1855	0,0059
Tlemcen	HMS1-HMS6	0,0691	0,0040
Tlemcen	HMS2-HMS6	0,0085	0,0013
Tlemcen	HMS3-HMS6	0,5571	0,0054
Tlemcen	AHT4-HMS7	0,2043	0,0056
Tlemcen	AHT5-HMS7	0,2321	0,0037
Tlemcen	ASB17-HMS7	0,5725	0,0020
Tlemcen	ASB2-HMS7	0,3256	0,0042
Tlemcen	ASB23-HMS7	0,0577	0,0023
Tlemcen	CA425-HMS7	0,0989	0,0026
Tlemcen	HMS1-HMS7	0,5683	0,0058
Tlemcen	HMS2-HMS7	0,1086	0,0037
Tlemcen	HMS3-HMS7	0,5974	0,0035
Tlemcen	HMS6-HMS7	0,1147	0,0023
Tlemcen	AHT4-HTG10	0,0092	0,0022
Tlemcen	AHT5-HTG10	0,1834	0,0053
Tlemcen	ASB17-HTG10	0,2155	0,0024
Tlemcen	ASB2-HTG10	0,8775	0,0038
Tlemcen	ASB23-HTG10	0,2776	0,0050
Tlemcen	CA425-HTG10	0,0091	0,0015

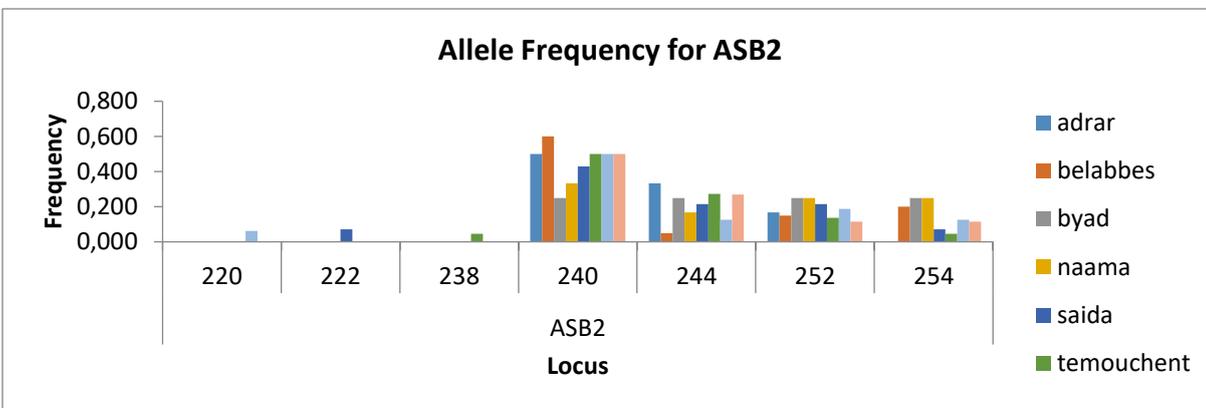
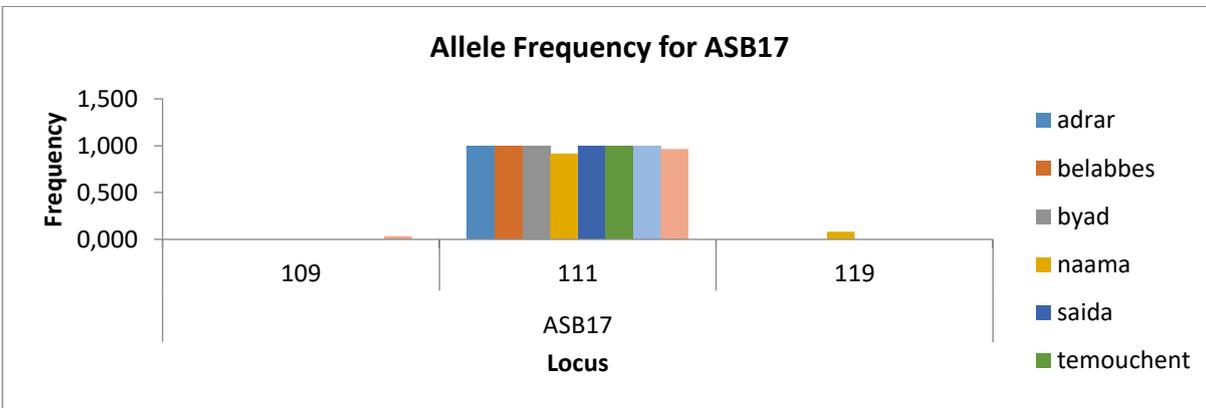
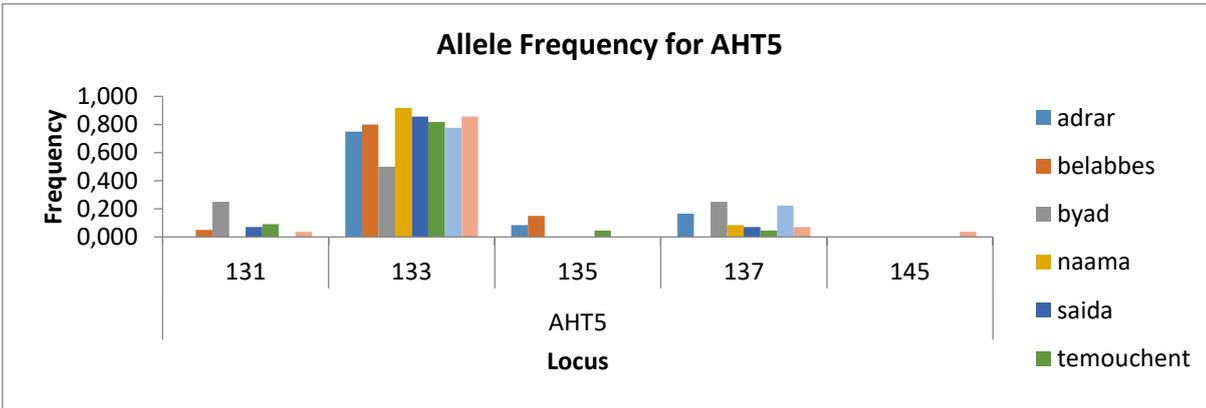
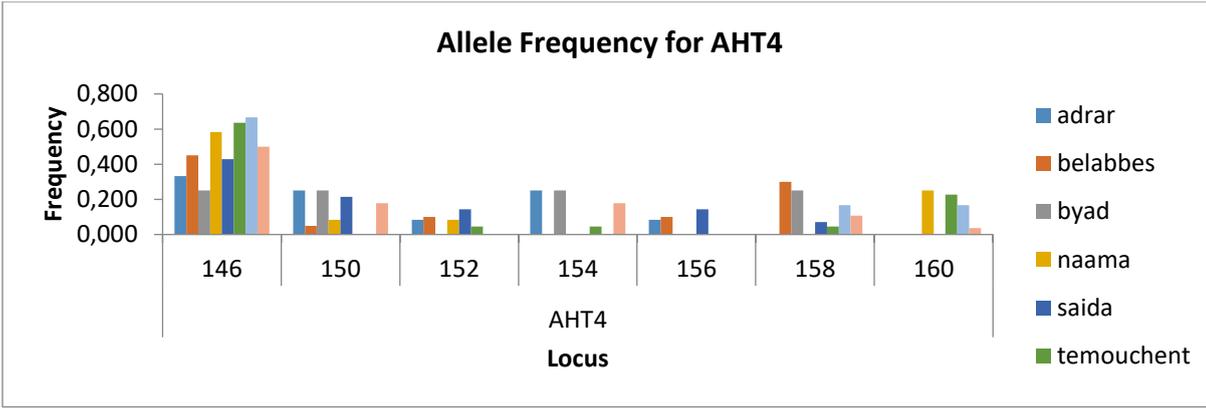
ANNEXES

Tlemcen	HMS1-HTG10	0,0000	0,0000
Tlemcen	HMS2-HTG10	0,0210	0,0023
Tlemcen	HMS3-HTG10	0,0801	0,0026
Tlemcen	HMS6-HTG10	0,4491	0,0078
Tlemcen	HMS7-HTG10	0,2707	0,0047
Tlemcen	AHT4-HTG4	0,7154	0,0044
Tlemcen	AHT5-HTG4	0,7080	0,0035
Tlemcen	ASB17-HTG4	0,3582	0,0019
Tlemcen	ASB2-HTG4	0,5898	0,0032
Tlemcen	ASB23-HTG4	0,1522	0,0015
Tlemcen	CA425-HTG4	0,2086	0,0038
Tlemcen	HMS1-HTG4	0,3757	0,0049
Tlemcen	HMS2-HTG4	0,7823	0,0037
Tlemcen	HMS3-HTG4	0,4202	0,0032
Tlemcen	HMS6-HTG4	0,7941	0,0031
Tlemcen	HMS7-HTG4	0,1344	0,0023
Tlemcen	HTG10-HTG4	0,3283	0,0041
Tlemcen	AHT4-Lex3	0,0917	0,0039
Tlemcen	AHT5-Lex3	0,5395	0,0041
Tlemcen	ASB17-Lex3	1,0000	-
Tlemcen	ASB2-Lex3	0,3755	0,0046
Tlemcen	ASB23-Lex3	0,6092	0,0049
Tlemcen	CA425-Lex3	0,2604	0,0044
Tlemcen	HMS1-Lex3	0,7816	0,0046
Tlemcen	HMS2-Lex3	0,0294	0,0019

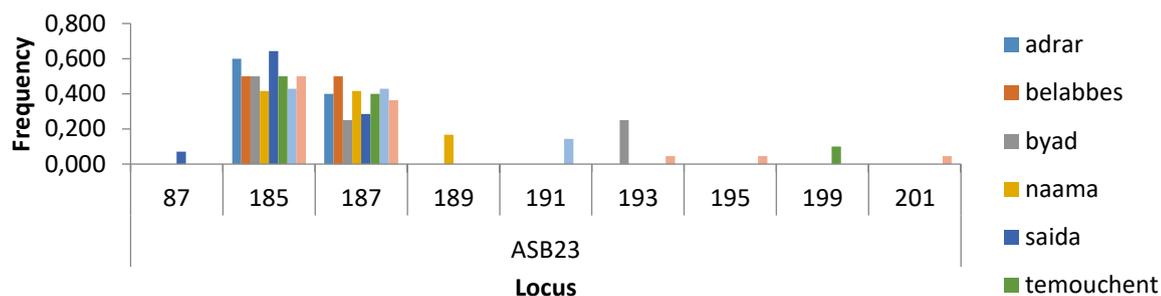
ANNEXES

Tlemcen	HMS3-Lex3	1,0000	-
Tlemcen	HMS6-Lex3	0,0079	0,0007
Tlemcen	HMS7-Lex3	0,0019	0,0003
Tlemcen	HTG10-Lex3	0,4656	0,0063
Tlemcen	HTG4-Lex3	0,5230	0,0032
Tlemcen	AHT4-VHL20	0,0088	0,0011
Tlemcen	AHT5-VHL20	0,0066	0,0006
Tlemcen	ASB17-VHL20	0,0724	0,0009
Tlemcen	ASB2-VHL20	0,3297	0,0041
Tlemcen	ASB23-VHL20	0,4284	0,0034
Tlemcen	CA425-VHL20	0,0994	0,0028
Tlemcen	HMS1-VHL20	0,2296	0,0052
Tlemcen	HMS2-VHL20	0,1166	0,0036
Tlemcen	HMS3-VHL20	0,7416	0,0030
Tlemcen	HMS6-VHL20	0,2357	0,0041
Tlemcen	HMS7-VHL20	0,0377	0,0013
Tlemcen	HTG10-VHL20	0,0828	0,0031
Tlemcen	HTG4-VHL20	0,3621	0,0030
Tlemcen	Lex3-VHL20	0,0254	0,0014

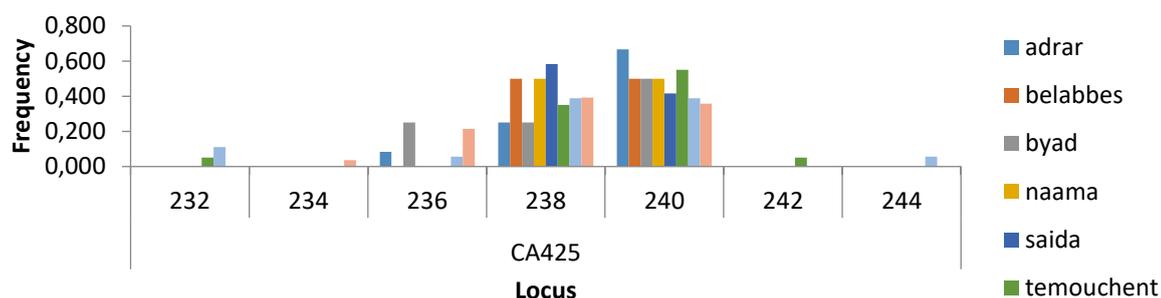
Annexe 5. Distribution des fréquences alléliques par population et par locus.



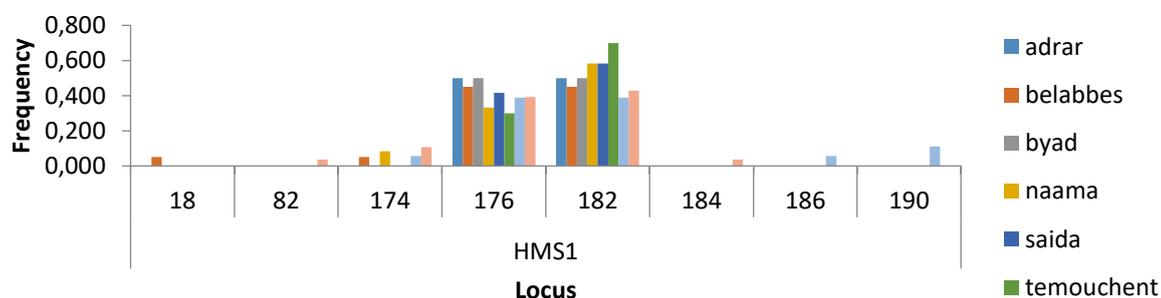
Allele Frequency for ASB23



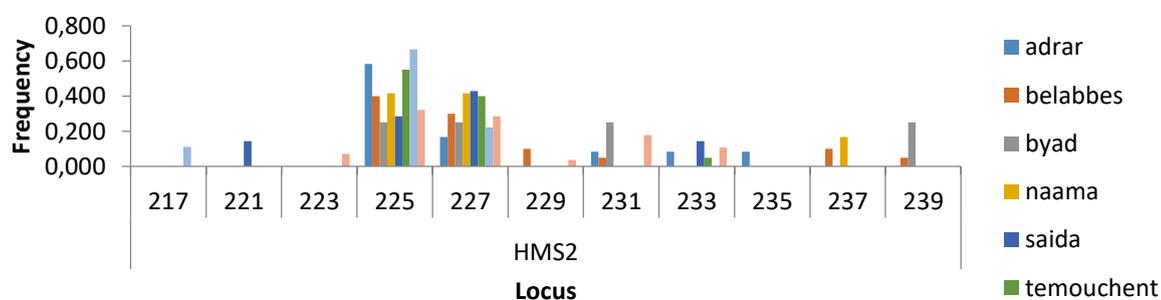
Allele Frequency for CA425



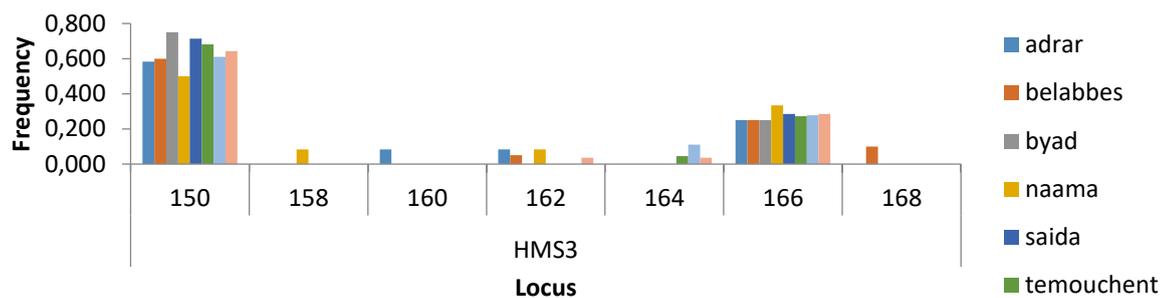
Allele Frequency for HMS1



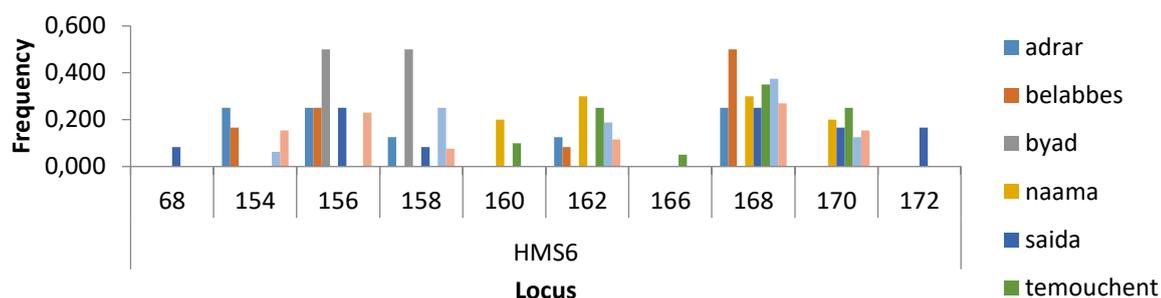
Allele Frequency for HMS2



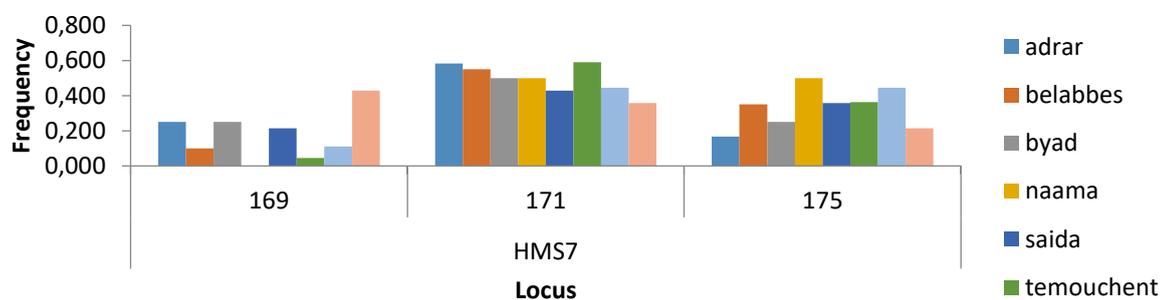
Allele Frequency for HMS3



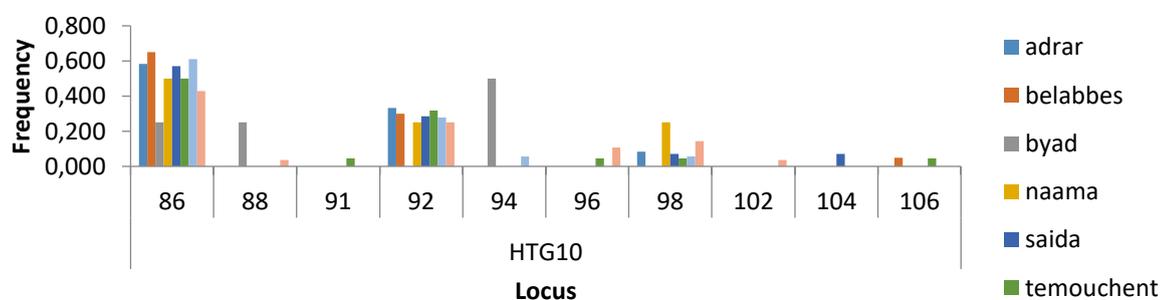
Allele Frequency for HMS6



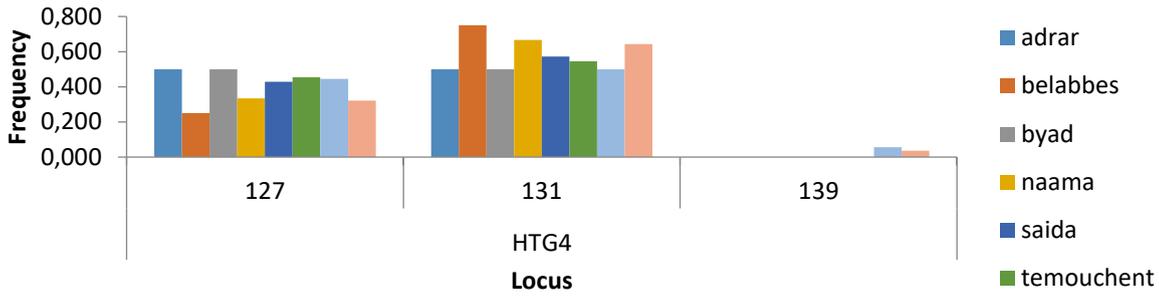
Allele Frequency for HMS7



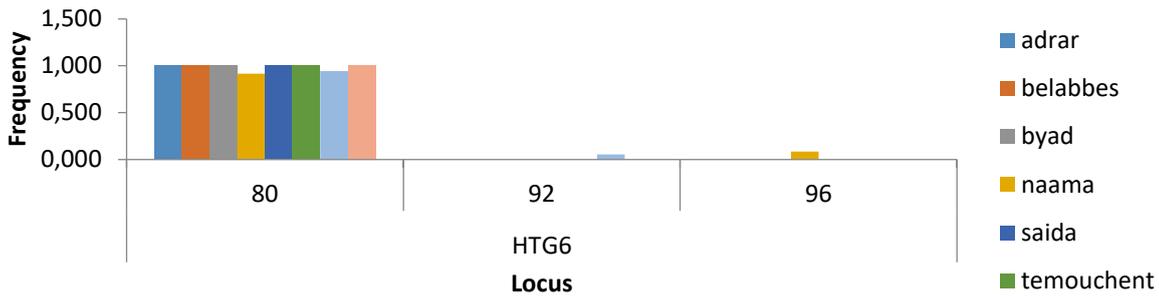
Allele Frequency for HTG10



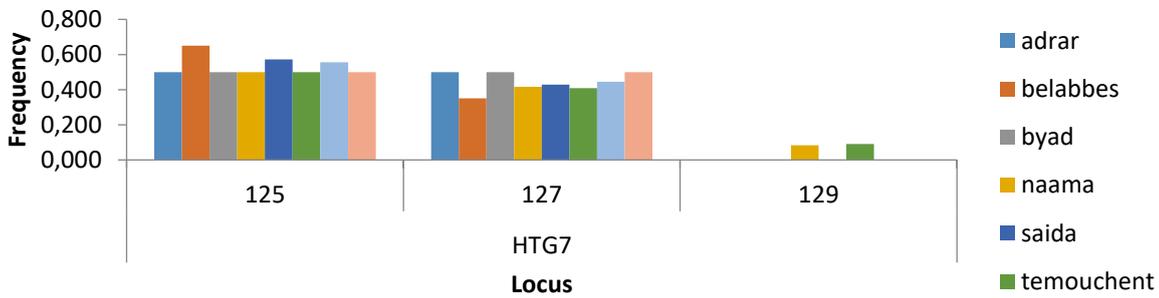
Allele Frequency for HTG4



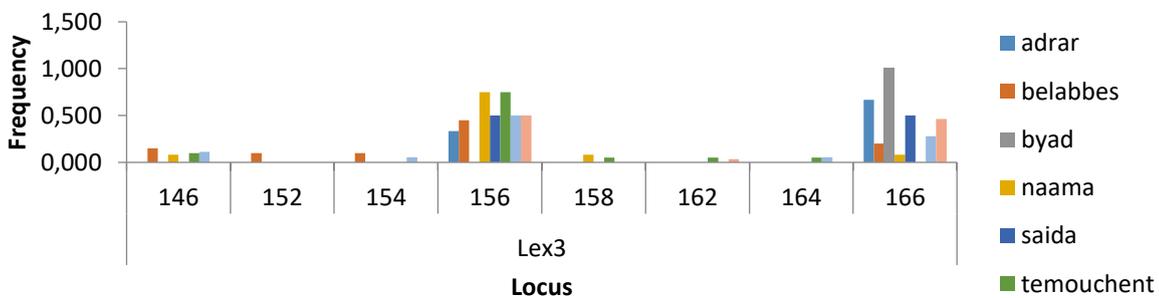
Allele Frequency for HTG6

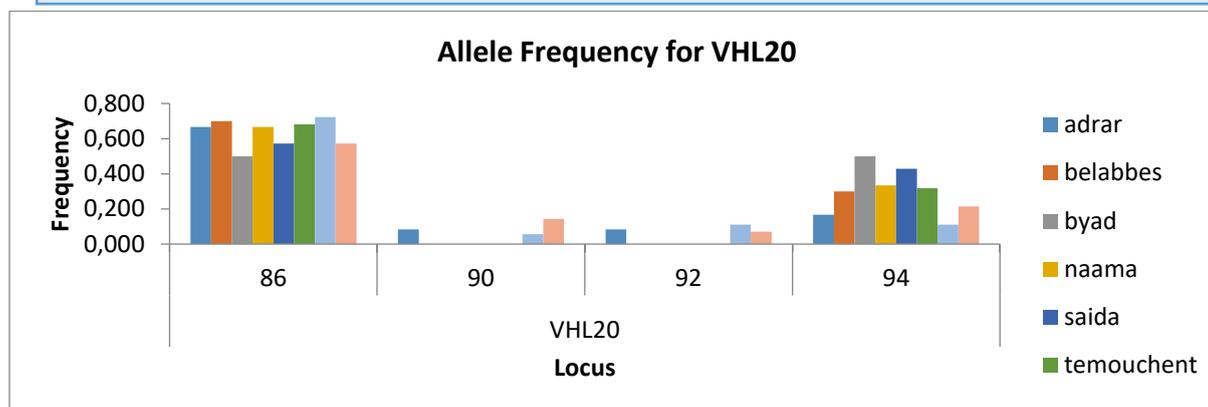


Allele Frequency for HTG7



Allele Frequency for Lex3





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

| Assigned sample | rank | score
|-----------------|----------------|--------|----------------|--------|----------------|--------|----------------|--------|----------------|-------|
| | 1 | % | 2 | % | 3 | % | 4 | % | 5 | % |
| /Adrar | Tlemcen | 99,930 | Adrar | 0,066 | El Bayadh | 0,003 | Tiaret | 0,001 | Sidi Bel Abbès | 0,000 |
| /Adrar | Naâma | 35,826 | Sidi Bel Abbès | 30,597 | Aïn Témouchent | 18,070 | Saïda | 11,581 | Tiaret | 2,735 |
| /Adrar | Tlemcen | 50,439 | Saïda | 48,552 | Adrar | 0,558 | El Bayadh | 0,417 | Sidi Bel Abbès | 0,034 |
| /Adrar | Tlemcen | 61,169 | Saïda | 35,323 | El Bayadh | 1,542 | Adrar | 1,014 | Sidi Bel Abbès | 0,732 |
| /Adrar | Naâma | 58,715 | Tlemcen | 19,247 | Saïda | 18,173 | Tiaret | 2,393 | Adrar | 1,226 |
| /Adrar | Aïn Témouchent | 91,699 | Sidi Bel Abbès | 5,247 | Naâma | 1,111 | Tiaret | 0,986 | Saïda | 0,614 |
| /Sidi Bel Abbès | Naâma | 56,018 | Aïn Témouchent | 27,202 | Sidi Bel Abbès | 13,786 | Saïda | 1,916 | Tiaret | 1,065 |
| /Sidi Bel Abbès | Aïn Témouchent | 89,108 | Naâma | 10,392 | Tiaret | 0,329 | Adrar | 0,077 | Saïda | 0,069 |
| /Sidi Bel Abbès | Saïda | 94,845 | Sidi Bel Abbès | 3,568 | Tlemcen | 1,105 | Adrar | 0,455 | Tiaret | 0,017 |
| /Sidi Bel Abbès | Sidi Bel Abbès | 88,931 | Aïn Témouchent | 8,395 | Tiaret | 1,287 | Naâma | 1,223 | Saïda | 0,156 |
| /Sidi Bel Abbès | Aïn Témouchent | 53,764 | Naâma | 26,254 | Sidi Bel Abbès | 8,330 | Tiaret | 6,708 | Saïda | 3,944 |
| /Sidi Bel Abbès | Tlemcen | 46,010 | Saïda | 29,778 | Adrar | 11,729 | Aïn Témouchent | 9,088 | Naâma | 2,954 |
| /Sidi Bel Abbès | Sidi Bel Abbès | 64,489 | Naâma | 17,219 | Tiaret | 15,782 | El Bayadh | 1,655 | Adrar | 0,460 |
| /Sidi Bel Abbès | Adrar | 53,021 | Naâma | 21,520 | Aïn Témouchent | 12,266 | Sidi Bel Abbès | 9,686 | Tiaret | 1,341 |
| /Sidi Bel Abbès | Adrar | 45,344 | El Bayadh | 39,042 | Saïda | 11,207 | Tlemcen | 4,314 | Sidi Bel Abbès | 0,091 |
| /Sidi Bel Abbès | Sidi Bel Abbès | 91,148 | Tiaret | 3,532 | Tlemcen | 2,386 | Saïda | 1,659 | Aïn Témouchent | 0,770 |
| /El Bayadh | Tlemcen | 66,163 | Saïda | 21,451 | Adrar | 8,948 | Sidi Bel Abbès | 3,408 | Tiaret | 0,027 |
| /El Bayadh | Tlemcen | 88,588 | Adrar | 11,250 | Saïda | 0,161 | Tiaret | 0,001 | El Bayadh | 0,000 |
| /Naâma | Aïn Témouchent | 89,364 | Tiaret | 7,837 | Tlemcen | 1,270 | Naâma | 1,251 | Sidi Bel Abbès | 0,258 |
| /Naâma | Aïn Témouchent | 93,971 | Tiaret | 4,608 | Naâma | 1,256 | Tlemcen | 0,071 | Saïda | 0,058 |

ANNEXES

/Naâma	Aïn Témouchent	97,582	Tiaret	1,595	Naâma	0,230	Saïda	0,216	Sidi Bel Abbès	0,189
/Naâma	El Bayadh	91,568	Saïda	6,606	Adrar	1,224	Sidi Bel Abbès	0,343	Naâma	0,219
/Naâma	Aïn Témouchent	70,232	Sidi Bel Abbès	16,568	Saïda	10,995	Naâma	1,265	Tiaret	0,759
/Naâma	Naâma	61,697	Aïn Témouchent	30,507	Tiaret	5,504	Tlemcen	2,257	Saïda	0,017
/Saïda	Aïn Témouchent	80,253	Naâma	17,223	Saïda	1,926	Sidi Bel Abbès	0,274	Tiaret	0,147
/Saïda	Aïn Témouchent	48,508	Sidi Bel Abbès	34,139	Naâma	16,018	Tiaret	0,465	Saïda	0,424
/Saïda	Naâma	85,597	Aïn Témouchent	8,208	Tlemcen	3,257	Sidi Bel Abbès	1,784	Tiaret	0,682
/Saïda	Adrar	81,746	Tlemcen	17,969	El Bayadh	0,200	Saïda	0,085	Sidi Bel Abbès	0,000
/Saïda	Adrar	84,186	Sidi Bel Abbès	9,821	Tlemcen	4,232	El Bayadh	1,071	Saïda	0,688
/Saïda	Saïda	52,006	Adrar	20,493	El Bayadh	10,642	Sidi Bel Abbès	10,347	Tlemcen	5,567
/Saïda	El Bayadh	49,349	Naâma	26,437	Aïn Témouchent	9,132	Adrar	7,529	Tiaret	3,791
/Aïn Témouchent	Saïda	36,471	Naâma	34,984	Aïn Témouchent	27,324	Sidi Bel Abbès	0,616	Tiaret	0,339
/Aïn Témouchent	Aïn Témouchent	47,235	Tlemcen	27,058	Naâma	22,960	Tiaret	1,876	Saïda	0,623
/Aïn Témouchent	Aïn Témouchent	51,903	Tiaret	26,301	Naâma	20,074	Sidi Bel Abbès	1,691	Tlemcen	0,019
/Aïn Témouchent	Aïn Témouchent	74,567	Naâma	21,231	Tiaret	2,847	Saïda	0,667	Sidi Bel Abbès	0,338
/Aïn Témouchent	Saïda	59,183	Tiaret	13,771	Naâma	8,314	Aïn Témouchent	6,845	Tlemcen	6,158
/Aïn Témouchent	Naâma	83,908	Tiaret	8,168	Saïda	6,700	Sidi Bel Abbès	0,642	Tlemcen	0,464
/Aïn Témouchent	Aïn Témouchent	73,838	Naâma	21,269	Tiaret	4,146	Sidi Bel Abbès	0,449	Tlemcen	0,175
/Aïn Témouchent	Aïn Témouchent	75,405	Naâma	22,267	Tiaret	2,037	Tlemcen	0,139	Adrar	0,097
=20/Aïn Témouchent	Aïn Témouchent	60,407	Naâma	9,750	Sidi Bel Abbès	8,721	Tiaret	8,394	Adrar	7,360
/Aïn Témouchent	Tiaret	48,415	Naâma	47,911	Saïda	1,672	Aïn Témouchent	1,441	Sidi Bel Abbès	0,339
/Aïn Témouchent	El Bayadh	84,787	Adrar	9,484	Naâma	5,511	Saïda	0,124	Sidi Bel Abbès	0,042
/Tiaret	Aïn Témouchent	77,024	Naâma	22,707	Tlemcen	0,183	Saïda	0,061	Tiaret	0,017
/Tiaret	Tiaret	28,209	Tlemcen	24,277	Naâma	21,052	Aïn Témouchent	12,231	Adrar	9,306
/Tiaret	Aïn Témouchent	91,077	Naâma	5,547	Sidi Bel Abbès	2,673	Tiaret	0,610	Adrar	0,049
/Tiaret	Sidi Bel Abbès	37,274	Tiaret	24,167	Adrar	13,132	Naâma	9,804	Aïn Témouchent	9,742
/Tiaret	Tiaret	55,955	Saïda	25,628	Sidi Bel Abbès	11,294	Tlemcen	5,854	Adrar	0,965
/Tiaret	Naâma	38,331	Sidi Bel Abbès	30,730	Aïn Témouchent	27,125	Saïda	2,629	Tiaret	0,755
/Tiaret	Naâma	86,068	Aïn Témouchent	13,418	Tlemcen	0,197	Tiaret	0,115	Saïda	0,095
/Tiaret	El Bayadh	99,999	Tlemcen	0,001	Adrar	0,000	Saïda	0,000	Tiaret	0,000
/Tiaret	Adrar	48,696	Tiaret	27,388	Aïn Témouchent	15,519	Naâma	7,435	Sidi Bel Abbès	0,628
/Tlemcen	Adrar	80,515	El Bayadh	12,606	Tlemcen	6,878	Saïda	0,001	Tiaret	0,000

ANNEXES

/Tlemcen	Aïn Témouchent	91,359	Naâma	4,603	Saïda	2,789	Tiaret	0,996	Tlemcen	0,143
/Tlemcen	Aïn Témouchent	90,408	Naâma	6,725	Tiaret	1,455	Sidi Bel Abbès	1,041	Adrar	0,144
/Tlemcen	Aïn Témouchent	77,589	Sidi Bel Abbès	12,513	Naâma	6,704	Tiaret	1,713	Saïda	1,431
/Tlemcen	Adrar	97,910	Tlemcen	1,878	El Bayadh	0,146	Saïda	0,065	Sidi Bel Abbès	0,001
/Tlemcen	Aïn Témouchent	52,531	Naâma	36,823	Saïda	5,820	Tiaret	3,786	Sidi Bel Abbès	0,956
/Tlemcen	Aïn Témouchent	85,315	Naâma	8,503	Tiaret	5,898	Sidi Bel Abbès	0,258	Adrar	0,018
/Tlemcen	Tlemcen	82,120	Adrar	14,940	Aïn Témouchent	2,451	Tiaret	0,223	Sidi Bel Abbès	0,150
/Tlemcen	El Bayadh	96,614	Adrar	2,731	Tlemcen	0,654	Saïda	0,000	Tiaret	0,000
/Tlemcen	Tlemcen	49,567	El Bayadh	45,670	Adrar	4,763	Saïda	0,000	Tiaret	0,000
/Tlemcen	Aïn Témouchent	70,648	Saïda	14,385	Naâma	9,792	Sidi Bel Abbès	3,041	Adrar	0,985
/Tlemcen	El Bayadh	86,295	Tlemcen	10,783	Adrar	2,922	Saïda	0,000	Sidi Bel Abbès	0,000
/Tlemcen	El Bayadh	99,795	Adrar	0,127	Saïda	0,077	Tlemcen	0,000	Sidi Bel Abbès	0,000
/Tlemcen	Naâma	96,395	Tiaret	2,912	Aïn Témouchent	0,305	Saïda	0,232	Sidi Bel Abbès	0,135

Résumé

Dans le cadre de l'étude de la biodiversité des ressources génétiques animales et afin d'apporter des outils efficaces à la gestion des populations asines algériennes, et en raison de l'absence des données ethniques et des caractérisations raciales de cette espèce en Algérie. Un effectif de 294 ânes adultes, répartis au niveau de huit wilayas d'où 11 mensurations, 06 indices corporels développés chez les chevaux et adaptés aux ânes ont été calculés et 07 caractères phénotypiques ont été retenus pour cette étude. Nos résultats montrent que aucun effet significatif du caractère sexe sur les mensurations étudiées ($p > 0,05$) seulement sur quelques paramètres comme (LSI), (LE), (LH), et (TM) ($p < 0,05$). Ainsi, une analyse factorielle des correspondances multiples a été effectuée sur la totalité des caractères phénotypiques, et elle a révélé deux composantes principales qui constituent 44,64 et 41,77 % de l'inertie totale soit 86,4 %. Cette analyse est un préalable vers l'établissement des différents caractères déterminants (Couleur de la robe, Tête, Membres, Poils, Museau et Ventre). Ces derniers doivent être pris en considération dans la caractérisation et identification phénotypique des populations asines. Ensuite, un total de 65 animaux appartenant à 8 populations asines (6 individus de Naâma, 10 Sidi Bel Abbès, 11 Aïn Témouchent, 2 El Bayadh, 9 Tiaret, 6 Adrar, 14 Tlemcen et 7 Saïda) font objet d'une étude de la structure et relation phylogénétique par l'utilisation d'un panel de 17 microsatellites. Les résultats obtenus montrent que ces marqueurs utilisés sont fortement polymorphes. En fait, le nombre moyen d'allèles par locus (MNA) enregistré se varie entre 3.94 et 2.88 pour la population de Tlemcen et la population de Naâma respectivement. Ainsi une valeur moyenne de 0.62 (62%) de PIC ce qui leurs rendent très informatifs. Une forte diversité génétique a été observée avec des valeurs d'hétérozygoties variant de 0,575 chez la population de Sidi Bel Abbès à 0,765 chez la population de El Bayadh. En outre, toutes populations asines étudiées sont déséquilibrées de HW. La différenciation génétique entre les populations asines étudiées est faible ($F_{ST} = 0,070$). Par conséquent, la diversité globale est due principalement à la diversité individuelle et pas raciale. En fin, les analyses de structuration (AFC, approche bayésienne de groupement) confirment les informations sur les relations entre ces différentes populations. En conclusion, les données et les informations apportées par cette étude montrent une proximité génétique entre les populations du nord-ouest et celles du sud-ouest.

Mots clés : Algérie ; populations asines ; marqueurs microsatellites ; diversité génétique, mensurations morphométriques.

Abstract

As part of the study of the biodiversity of animal genetic resources and to provide effective tools for the management of Algerian Asine populations, and due to the lack of ethnic data and racial characterizations of this species in Algeria. A population of 294 adult donkeys, distributed at the level of eight wilayas where 11 measurements, 06 body indices developed in horses and adapted to donkeys were calculated and 07 phenotypic characters were selected for this study. Our results show that only a few parameters (LSI), (LE), (LH), and (TM) had no significant effects of sex on the measurements studied ($p > 0.05$). Thus, a factorial analysis of multiple matches was carried out on all phenotypic characters, and it revealed two main components that make up 44.64 and 41.77% of the total inertia, or 86.4%. This analysis is a prerequisite for establishing the various determining characters (Colour of the dress, Head, Limbs, Hair, Muzzle and Belly). These should be taken into account in the characterization and phenotypic identification of dokey populations. Then, a total of 65 animals belonging to 8 Asian populations (6 individuals of Naâma, 10 Sidi Bel Abbès, 11 Aïn Témouchent, 2 El Bayadh, 9 Tiaret, 6 Adrar, 14 Tlemcen and 7 Saïda) a study of the structure and phylogenetic relationship using a panel of 17 microsatellites. The results obtained show that these markers used are highly polymorphic. In fact, the average number of alleles per locus (MNA) recorded varies between 3.94 and 2.88 for the Tlemcen population and the Naâma population respectively. Thus an average value of 0.62 (62%) PIC which makes them very informative. High genetic diversity was observed with heterozygous values ranging from 0.575 in the Sidi Bel Abbès population to 0.765 in the El Bayadh population. In addition, all Asian populations studied are HW imbalance. Genetic differentiation between the study populations is low ($F_{ST} = 0.070$). Therefore, global diversity is mainly due to individual and not racial diversity. Finally, the structuring analyses (AFC, Bayesian clustering approach) confirm the information on the relationships between these different populations. In conclusion, the data and information provided by this study show a genetic proximity between northwest and southwest populations

Key words: Algeria; donkey populations; microsatellite markers; genetic diversity, morphometric measurements, phenotypic.

ملخص

كجزء من دراسة التنوع البيولوجي للموارد الوراثية الحيوانية ولتوفير أدوات فعالة لإدارة مجموعات الحمير الجزائرية، وبسبب نقص البيانات العرقية والتوصيفات العرقية لهاته الأنواع في الجزائر. بلغ عدد العينات 294 من الحمير البالغة موزعة على مستوى ثماني ولايات حيث تم حساب 11 قياساً و06 من مؤشرات الجسم المطورة في الخيول والمكيفة مع الحمير وتم اختيار 07 صفات مظهرية لهذه الدراسة. تظهر نتائجنا أن عدداً قليلاً فقط من المعلمات (LSI) و (LE) و (LH) و (TM) لم يكن لها تأثيرات معنوية للجنس على القياسات المدروسة ($p > 0.05$) وهكذا، تم إجراء تحليل عاملي لمطابقات متعددة على جميع الصفات المظهرية، وكشف عن مكونين رئيسيين يشكلان 44.64% و 41.77% من إجمالي القصور الذاتي، أو 86.4%. هذا التحليل هو شرط أساسي لتحديد مختلف المظاهر المحددة (لون الفرو، الرأس، الأطراف، الشعر، الكمامة والبطن). يجب أن تؤخذ هذه في الاعتبار في توصيف وتحديد النمط الظاهري لمجموعات الحمير. ثم، ما مجموعه 65 حيواناً تنتمي إلى 8 مجموعات للحمير (6 أفراد من النعام، 10 سيدي بلعباس، 11 عين تموشنت، 2 البيض، 9 تيارت، 6 أدرار، 14 تلمسان و 7 من سعيدة) لدراسة التركيب والتطور. باستخدام لوحة مكونة من 17 ساتلاً ميكروياً. تظهر النتائج التي تم الحصول عليها أن هذه العلامات المستخدمة هي متعددة الأشكال للغاية. في الواقع، يتراوح متوسط عدد الأليلات لكل موضع (MNA) المسجل بين 3.94 و 2.88 لمجموعات تلمسان ومجموعات النعام على التوالي. وبالتالي، فإن متوسط قيمة 0.62 (62%) PIC مما يجعلها مفيدة للغاية. لوحظ تنوع وراثي مرتفع مع قيم متغايرة الزيوجوت تتراوح من 0.575 في مجموعة سيدي بلعباس إلى 0.765 في مجموعة البيض. بالإضافة إلى ذلك، فإن جميع مجموعات الحمير الذين تمت دراستهم يعانون من عدم توازن HW. التمايز الجيني بين مجموعات الدراسة منخفض ($F = 0.070$). لذلك، فإن التنوع الإجمالي يرجع أساساً إلى التنوع الفردي وليس التنوع العرقي. أخيراً، تؤكد تحليلات الهيكل (AFC)، نهج التجميع (Bayesian) المعلومات حول العلاقات بين هذه المجموعات السكانية المختلفة. في الختام، تظهر البيانات والمعلومات التي قدمتها هذه الدراسة تقارباً وراثياً بين مجموعات الشمال الغربي والجنوب الغربي.

الكلمات المفتاحية: الجزائر، مجموعات الحمير، معلمات السوائل الصغيرة، التنوع الجيني، قياسات، المظهرية.

