

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



UNIVERSITE ABOU BEKR BELKAID DE TLEMCEN

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

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

Laboratoire de Génétique Appliquée en Agriculture, Ecologie et santé publique (GenApAgiE)

**Filière** : Sciences Biologiques

**Département** : Biologie

**Thèse de Doctorat**

Présentée par :

**BELHARFI Fatima Zahra**

En vue de l'obtention du

**Diplôme de Doctorat 3<sup>ème</sup> cycle**

**Spécialité** : Génétique Appliquée

**Thème** :

**Caractérisation morphométrique et génétique des populations ovines en Algérie**

Soutenu le 18/07/2023 devant le jury composé de :

| <b>Qualité</b>       | <b>Nom</b>              | <b>Grade</b> | <b>Université</b> |
|----------------------|-------------------------|--------------|-------------------|
| <b>Président :</b>   | Mokhtari Soulimane. N.A | Prof.        | Univ. Tlemcen     |
| <b>Encadrant :</b>   | Tabet-Aoul. N           | Prof.        | Univ. Oran.       |
| <b>Examineur1 :</b>  | Gaouar. S.B.S           | Prof.        | Univ. Tlemcen     |
| <b>Examineur2 :</b>  | Tefiel. H               | MCA          | Univ. Tissemsilet |
| <b>Examineur 3 :</b> | Bellatrache.A           | MCA          | Univ. Tlemcen     |

## Remerciement

*Il est primordial de remercier « **ALLAH** » le Tout-Puissant de tout ce qu'il nous apporte dans la vie et de nous avoir donné la volonté, la patience et fourni l'énergie nécessaire pour mener à bien ce travail.*

*La réussite de ce travail est l'aboutissement de plusieurs années de persévérance et d'effort personnel mais surtout grâce à des personnes de qualité qui m'en ont entouré de leur savoir, leur bienveillance et leur soutien, cela m'a permis d'acquérir une expérience et une connaissance qui me suivra tout au long de ma vie. ET pour cela je tiens à exprimer toute ma reconnaissance aux personnes qui ont joué un rôle à cet accomplissement.*

*Mes remerciements particuliers s'adressent à mes directeurs, le professeur **Tabet-Aoul Nacéra** et le professeur **GAOUAR Suheil Semir Bechir** le chef de formation, qui m'a 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.*

*Ce travail a été réalisé sous la direction de **Pr. Tabet-Aoul Nacéra** la directrice de cette thèse qui par son intérêt, ses conseils, ses discussions constructives et son dévouement m'ont été d'une aide précieuse dans l'élaboration de cette étude. Je tiens à vous exprimer ma profonde reconnaissance de l'expérience et la connaissance que vous m'avait apportée tout au long de mon cycle doctoral.*

*Un grand merci au **Pr. GAOUAR Suheil Bechir Semir**, qui m'a tant soutenu, conseillé et aidé. Merci 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.*

*Je remercie madame **DJAOUT Amal** (Maitre de recherche A) à l'INRAA, Monsieur **Ameur Ameur Abdelkader** (MCA) à l'université de Tlemcen et je remercie Madame **Kdidi Samia** (Docteur) de l'université de Gabes en Tunisie. Vous m'avez conseillé et soutenu énormément. Travailler avec vous est une expérience passionnante.*

*Je souhaiterais adresser ma gratitude au Pr. Mokhtari Soulimane Nassima Amel, professeur à l'université de Tlemcen en biologie, qui a accepté de présider le jury.*

*J'exprime également ma reconnaissance au Dr. Tefiel Hakim (MCA) à l'université de Tissemsilet et Dr Bellatrache Amina (MCA) de l'université de Tlemcen qui ont acceptés de participer à ce jury et examiner mon 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 :*

*Je remercie Docteur Fabre Stéphane chef de laboratoire GenPhyse et son équipe à l'INRA de Toulouse en France 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.*

*Ainsi que Je remercie la participation du laboratoire de physiologie, physiopathologie et biochimie de la nutrition de l'Université de Tlemcen.*

*Un grand merci aussi au Dr El Bouyahyaoui Rachid pour son aide et pour sa contribution dans ce projet.*

*Je remercie les équipes de l'institut technique des élevages « l'ITELV » de Saida et de Ksar chellala à Tiaret, l'Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie « l'INRAA » de Hmadna à Relizane et d'Adrar, et la directrice Bouneder Houria directrice de l'Institut Technique de Développement de l'Agronomie Saharienne « l'ITDAS » d'Abadla et la DSA de Béchar.*

*Je remercier également tous les éleveurs qui ont accepté de participer à cette étude pour leurs accueil et d'avoir été assez conciliant.*

*Merci et bon courage à tous mes amis d'étude de la spécialité Génétique Appliquée.*

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

*À toutes et tous, un grand merci !*

## *Dédicace*

*Aux plus chères personnes du monde, mes parents, à qui je dois mon éducation et ma réussite. De tout temps, leur affection a été ma plus grande joie qui me rappelle que je dois travailler. Je leur devrai de les aimer encore plus, quoi que rien ne puisse égaler leur amour, leur tendresse et leur encouragement. Aucune dédicace ne saurait exprimer l'amour, l'estime, le dévouement et le respect que j'ai toujours eu pour vous. Rien au monde ne vaut les efforts fournis jour et nuit pour mon éducation et mon bien-être. Ce travail est le fruit de tes sacrifices que tu as consentis pour mon éducation et ma formation.*

*Que dieu les gardent pour moi en bonne santé.*

**A mon époux, pour la patience et le soutien dont il a fait preuve pendant toute la durée de ce travail et à qui je voudrais exprimer mes affections et mes gratitude.**

**À celle qui m'a toujours aidée, écoutée, soutenue et encouragée, celle qui a toujours été présente pour moi, ma très chère sœur Somia**

**À mon cher frère Mohammed.**

**Merci infiniment**

**À Toute ma famille, mes oncles, ma tante et son mari, mes cousins Amina, Nadjib, Nadia, Fatima, Touria et Souhila.**

**À mes chères copine Amina, Imane, Fatima, Zineb et Souad merci à vous.**

**A ma belle-famille, mes beaux-parents mes belles-sœurs et mes beaux-frères un grand merci pour votre sollicitude et votre intérêt.**

## Résumé

Dans le cadre de l'étude de la biodiversité et la gestion des ressources génétiques ovines, notre étude s'est basée sur une approche phénotypique d'une part, et sur une étude moléculaire d'autre part de quatre populations ovines algériennes.

Un total de 74 moutons dont 25 et 49 appartenant respectivement à Tazegzawt à l'est et EL Ham à l'ouest, ont été analysés pour douze mensurations et onze paramètres qualitatifs. La comparaison entre les deux populations Tazegzawt (25), EL Ham (5) au niveau moléculaire a été réalisée à l'aide de 15 microsattellites. Morphologiquement, les résultats obtenus ont montré que les deux populations Tazegzawt et « EL Ham » ont des caractères différents. Concernant les analyses moléculaires ont montré un mélange génétique élevé entre les deux populations. De plus, l'analyse discriminante des diagrammes de dispersion en composantes principales a montré que les deux populations étaient superposées. Donc les deux populations appartiennent à la même race et que les différences morphométriques observées sont dues à l'adaptation et au système d'élevage appliqué dans les différentes régions.

Et entre les deux populations ovines dans le sud Algérien. L'approche zootechnique aborde l'aspect phénotypique pour la caractérisation de la population D'man Adrar (29 animaux) et D'man Saoura (37 animaux) par l'utilisation des mensurations corporelles qui sont : HG, TP, LSI, HP, HS, HD, LH, LB, Lisch, Ltro, LE, TL, tla, OL, Ola, Pc. La caractérisation morphométrique a permis de révéler une grande diversité phénotypique entre les populations étudiées avec des différences significatives ( $p < 0,05$ ) entre les mâles et les femelles de chaque population, L'analyse de variance ne montre pas de différences significatives pour les indices zootechniques des animaux entre les deux populations ( $p > 0,05$ ) mais Morphologiquement, les résultats obtenus ont montré que les deux populations ont des caractères différents. Les résultats moléculaires par microsattellites ont montré qu'au niveau individuel les deux populations y montrent est une distance génétique moyenne et l'analyse discriminante des diagrammes de dispersion en composantes principales a montré que les deux populations étaient éloigné. Ces résultats ont révélé que les deux populations D'man Adrar et D'man Saoura doivent être considérées comme des populations différentes.

Le type de toison (laineux et poilu) présente des variations d'insertion/délétion (InDel) dans le 3'UTR du gène IRF2BP2 au sein et entre les races ovine. La présente étude consiste à analyser ce polymorphisme. Au total, 906 échantillons d'ADN appartenant à 12 races ovines algériennes, 4 tunisiennes et une iranienne ont été génotypés par PCR. Les résultats obtenus

ont montré que le polymorphisme InDel étudié avait deux allèles différents (465 Pb et 225 Pb), dans lesquels, déduit en conduisant à trois génotypes différents dans toutes les races ovines. En outre, il a affiché des valeurs de contenu d'information sur le polymorphisme (PIC) comprises entre 0,013 pour la race Sidaou et 0,374 pour la race Mehraban. De plus, l'insertion d'allèles (465 pb) semble être la plus fréquente, atteignant la fréquence la plus élevée 97 % dans la race Rembi, et la plus faible 1 %, 18 %, 23 %, 48 % pour Sidaou, D'man, Sicilo-Sarde et Mehraban Par ailleurs, seules quatre races : Tazegzawt, Noire de Thibar, Queue Fine de l'Ouest et SiciloSarde n'étaient pas en équilibre Hardy-Weinberg.

**Mot clés :** Ovin ; D'man ; EL Ham ; Tazegzawt ; Caractérisation ; morphométrie ; Microsatellite ; Toison ; Indel, gène *IRF2BP2*.

## Abstract

As part of the study of biodiversity and the management of sheep genetic resources, our study was based on a phenotypic approach on the one hand, and on a molecular study on the other hand of four Algerian sheep populations.

A total of 74 sheep, including 25 and 49 belonging respectively to Tazegzawt in the east and EL Ham in the west, were analyzed for 12 measurements and 11 qualitative parameters. The comparison between the two populations Tazegzawt (25), EL Ham (5) at the molecular level was carried out using 15 microsatellites. Morphologically, the results obtained showed that the two populations Tazegzawt and "EL Ham" have different characters. Regarding the molecular analyzes showed a high genetic mixture between the two populations. Moreover, the discriminant analysis of the principal component scatter plots showed that the two populations were superimposed. So the two populations belong to the same breed and that the morphometric differences observed are due to the adaptation and the breeding system applied in the different regions.

And between the two sheep populations in southern Algeria. The zootechnical approach addresses the phenotypic aspect for the characterization of the D'man Adrar (29 animals) and D'man Saoura (37 animals) population by using body measurements which are: HG, TP, LSI, HP, HS, HD, LH, LB, Lisch, Ltro, LE, TL, tla, OL, Ola, Pc. The morphometric characterization revealed a great phenotypic diversity between the populations studied with significant differences ( $p < 0.05$ ) between the Mâles and the feMâles of each population, The analysis of variance does not show significant differences for the zootechnical indices of the animals between the two populations ( $p > 0.05$ ) but Morphologically, the results obtained showed that the two populations have different characters. The molecular results by microsatellites showed that at the individual level the two populations show there is an average genetic distance and the discriminant analysis of the principal component scatter diagrams showed that the two populations were distant. These results revealed that the two populations D'man Adrar and D'man Saoura should be considered as different populations.

The fleece type (woolly and hairy) has insertion/deletion (InDel) variations in the 3'UTR of the IRF2BP2 gene within and between sheep breeds. The present study consists in analyzing this polymorphism. A total of 906 DNA samples belonging to 12 Algerian, 4 Tunisian and 1 Iranian sheep breeds were genotyped by PCR. The results obtained showed that the studied InDel polymorphism had two different alleles (465 Pb and 225 Pb), in which, inferred leading



to three different genotypes in all sheep breeds. Furthermore, it displayed polymorphism information content (PIC) values between 0.013 for the Sidaou race and 0.374 for the Mehraban breed. Moreover, the insertion of alleles (465 bp) seems to be the most frequent, reaching the highest frequency 97% in the Rembi breed, and the lowest 1%, 18%, 23%, 48% for Sidaou, D'man, Sicilo-Sarde and Mehraban. Moreover, only four breeds: Tazegzawt, Noire de Thibar, Queue Fine de l'Ouest and SiciloSarde were not in Hardy-Weinberg equilibrium.

**Key words:** Sheep; D'man ; EL Ham; Tazegzawt; Characterization; morphometrie; Microsatellite; Fleece; Indel; *IRF2BP2* gene

## المخلص

في إطار دراسة التنوع الحيوي وإدارة الموارد الوراثية للأغنام، استندت دراستنا إلى نمط ظاهري من ناحية، ودراسة جزيئية من ناحية أخرى، لأربعة مجموعات من الأغنام الجزائرية.

. تم تحليل مجموعته 74 رأساً من الأغنام موزعين كالاتي: 25 فرداً من مجموعة تازغزاوت و49 فرداً من مجموعة الحام، عن طريق أخذ 14 قياساً للجسم و 11 صفة كئيّة نوعيّة. أجريت المقارنة بين المجموعتين على المستوى الجزيئي باستخدام 15 ميكرو سائل جيني. أظهرت التحليلات أن الفروق في قياسات الجسم بين الفئات المدروسة لم تكن ذات دلالة، حيث كانت مجموعة تازغزاوت هي الأعلى والأطول وأظهرت معظم سمات الجسم قيمًا متوسطة أعلى في هذه الفئة، إلى جانب ذلك، أظهر التحليل الوصفي للصفات النوعية بين المجموعتين عدة اختلافات، أظهر التحليل التبايني للمكونات الرئيسية مجموعات مبعثرة و مجموعتين مترابطتين.

بشكل عام. أظهرت هذه النتائج أن مجموعتي تازغزاوت والحام يجب اعتبارهما فئتين مختلفتين تماماً ومُتباينتان فيما بينهما.

و بين مجموعتي أغنام متواجدة في الجنوب الجزائري، تعالج النمط الظاهري لتوصيف مجموعة دمان أدرار (29 حيواناً) ودمن الساورة (37 حيواناً) باستخدام القياسات الجسدية التي هي: HG ؛ ، TP ، LSI ، HP ، HS ، HD ، LH ، LB ، Lisch ، Ltro ، LE ، TL ، tla ، OL ، Ola ، Pc. يسمح التوصيف المورفومتري بكشف التنوع الظاهري الكبير للمجموعتين المدروستين مع وجود فروقات مهمة ( $p < 0.05$ ) بين الذكور والإناث من كل مجموعة، للقياسات الجسدية المدروسة لم يظهر تحليل التباين فروقات مهمة في المؤشرات الحيوانية بين المجموعتين ( $p > 0.05$ ) ولكن من الناحية الشكلية، أظهرت النتائج التي تم الحصول عليها أن دمان أدرار ودمان الساورة لكل منهما خصائص مختلفة وتم إجراء المقارنة بين مجموعتي دمن على المستوى الجزيئي باستخدام 15 ميكروسائل جيني باستخدام 5 حيوانات من دمان أدرار و 14 حيواناً من دمان الساورة. حيث أظهرت النتائج وجود مسافة وراثية متوسطة بين بينهما، وكشفت هذه النتائج أنه ينبغي اعتبار مجموعتي «دمان أدرار» و «دمان ساورة» بأنهما مختلفتين.

يختلف نوع الصوف (الصوف والشعر) داخل سلالات الأغنام وفيما بينها. على الرغم من أن أساسه الجيني قد فهم مؤخراً على أنه تعدد أشكال الاضافة/الحذف (InDel) في 3'UTR للمورثة IRF2BP2

تم دراسة 906 عينة من الحمض النووي من 12 سلالة من الأغنام الجزائرية و4 سلالات من الأغنام التونسية وسلالة إيرانية واحدة بواسطة PCR. بالإضافة إلى ذلك، تم التحقق من وجود أو عدم وجود (InDel) (240Pb) من خلال حجم منتج PCR الناتج. أظهرت النتائج التي تم الحصول عليها أن تعدد البوليمورفيسم InDel المدروس يحتوي على أليلين مختلفين، (465 Pb et 225 Pb). ما أدى إلى ثلاثة أنماط جينية مختلفة في جميع سلالات الأغنام. بالإضافة إلى ذلك، عرضت قيم محتوى المعلومات للتعديد (PIC) تتراوح من 0.013 لسلالة سيداون إلى 0.374 لسلالة مهربان.

بالإضافة إلى ذلك، يبدو أن إدخال الأليل (465 نقطة أساس) هو الأكثر شيوعاً، حيث وصل إلى أعلى تردد بنسبة 97% في سلالة الأغنام رامبي، وأقل تردد بنسبة 1% و 18% و 23% و 48% لسيداون، دمان، سيسيلو سارد ومهربان على التوالي.

بالإضافة إلى ذلك، أربع سلالات فقط، وهي تازغزاوت ونواردوتيبار؛ كوفين دولواست وسيسيلو سارد، لم تكن في توازن  
.EHW

**الكلمات المفتاحية:** ضأن؛ دمان؛ الحام؛ تازغزاوت؛ التوصيف؛ مورفومتري؛ ميكروساتل جيني؛ صوف؛  
الإضافة/الحذف؛ المورثة IRF2BP2

## Productions scientifiques

*Au cours de mon cycle de doctorat j'ai eu la chance d'effectuer plusieurs recherche scientifique qui ont donné lieu à des publications internationales ainsi que national et des communications internationales.*

### Publications internationales :

**Fatima Zahra BELHARFI**, Amal DJAOUT, Abdelkader AMEUR AMEUR., Semir.Bechir.Suheil GAOUAR (2017). Barymetric characterization of Algerian sheep breeds in western Algeria. Genetics And Biodersity Journal (GABJ), 1(2): 31-11.

**Fatima Zahra BELHARFI**, Amal DJAOUT, Abdelkader AMEUR AMEUR, Houssam SAHRAOUI, Semir.Bechir.Suheil GAOUAR (2018). A comparate study of wool quality in sheep breeds in western Algeria. Genetics And Biodersity Journal (GABJ), 2(1), 19-25. <https://doi.org/10.46325/gabj.v2i1.113>.

DJAOUT Amal, **BELHARFI Fatima Zohra**, KOURICHI Amira, LARABI Nora, BENIDIR Mouhamed, GAOUAR Semir Bechir Suheil (2022). Morphometric assessment and physico-chemical description of the milk of Arbia goat breed in province of Tlemcen. Genetics And Biodersity Journal (GABJ), 6 (2): 143-158. DOI: 10.46325/gabj.v6i2.287.

**Fatima Zahra BELHARFI**, Nacéra TABET-AOUL, Samia KDIDI , Amal DJAOUT., Rachid EL-BOUYAHYAOUI., Hafida AINSEBA., Dalal HADJMOHAMMED., Abdelkader AMEUR AMEUR, Semir.Bechir.Suheil GAOUAR (2023). Phenotypic and molecular characterization of Tazegzawt and EL Ham sheep populations in Algeria. Genetics And Biodersity Journal (GABJ), 7 (1): 30- 51. DOI: 10.46325/gabj.v7i1.285.

### Communications internationales:

**Belharfi F.Z**, Djaout A, Ameer Ameer.A, Gaouar S.B.S. Appréciation de la qualité lainière des races ovines dans l'Ouest Algérie. 5 ème Workshop International MGIBR : « Les parties prenantes du secteur équidés : caractéristiques, points critiques et potentialités ». 27-28 Avril, 2019, Palais de la culture, Imama, Tlemcen, Algérie.

**Belharfi F.Z**, Djaout A, Ameer Ameer.A, Gaouar S.B.S. Caractérisation baryométrique des races ovines algériennes dans l'Ouest Algérien. 5 ème Workshop International MGIBR : « Les parties prenantes du secteur équidés : caractéristiques, points critiques et potentialités ». 27-28 Avril, 2019, Palais de la culture, Imama, Tlemcen, Algérie.

**Belharfi F.Z**, Tabet-Aoul N., Djaout A., Ameer Ameer A., Gaouar S.B.S. Etude comparative de la qualité de la laine chez les races ovines à l'ouest algérien. 1<sup>ST</sup> INTERNATIONAL SEMINAR ON ANIMAL HEALTH AND PRODUCTION: "LIVESTOCK. DISEASES AND POPULATION MEDICINE IN DAIRY CATTLE FARMS".Online – October - 11-12th, 2022.

**Communication national :**

**Belharfi F. Z, Tabet-Aoul N., Djaout A ., Ameer Ameer A., Gaouar S.B.S.** caractérisation phénotypique et moléculaire de deux populations ovines Tazegzawt et EL Ham en Algérie. 1<sup>er</sup> séminaire national sur la zootechnie. 5-6 Décembre 2022. Université Mohamed Messaadia. Souk Ahras.

# Sommaire

## Liste des figures

## Liste des tableaux

## Liste des abréviations

|  |           |
|--|-----------|
| Introduction .....   | 1         |
| PARTIE BIBLIOGRAPHIQUE .....   | 6         |
| Chapitre 1. Biodiversité des ressources zoogénétiques et zootechniques ..... | 6         |
| 1. Importance de la biodiversité des animaux d'élevage .....                 | 6         |
| 2. Origine de la diversité génétique.....                                    | 6         |
| 2.1. Polymorphismes génétiques.....  | 6         |
| 2.2. Forces évolutives .....   | 7         |
| 3. Méthodes de caractérisation des animaux d'élevage .....                   | 9         |
| 3.1. Méthodes morpho-biométriques .....                                      | 9         |
| 3.2. Méthodes biochimiques ou immunogénétiques.....                          | 11        |
| <b>3.2.1. Marqueurs biochimiques .....</b>                                   | <b>12</b> |
| <b>3.2.2. Marqueurs moléculaires.....</b>                                    | <b>13</b> |
| 3.1. La bioinformatique et la génétique .....                                | 20        |
| Chapitre 2. Généralités et présentations des ovins .....                     | 22        |
| 1. Taxonomie.....  | 22        |
| 2. Origine et évolution des ovins.....                                       | 22        |
| 3. Domestication des ovins.....  | 23        |
| 3.1. Dates et lieux de la domestication du mouton .....                      | 23        |
| 3.2. Modifications apportées par la domestication .....                      | 24        |
| <b>3.2.1. Modifications morphologiques .....</b>                             | <b>24</b> |
| <b>3.2.2. Modifications anatomiques et physiologiques .....</b>              | <b>24</b> |
| <b>3.2.3. Modifications psychologiques .....</b>                             | <b>25</b> |
| <b>3.2.4. Modifications génétiques .....</b>                                 | <b>25</b> |

|  |    |
|--|----|
| 4. Génome des ovins .....  | 25 |
| Chapitre 3. Ressources génétiques du mouton Africain, diversité et caractéristiques uniques  | 27 |
| 1. Différentes classes de races ovines en Afrique et leurs caractéristiques adaptatives..... | 27 |
| 2. Situation actuelle de la diversité ovine en Afrique .....                                 | 29 |
| 2.1. Etudes morphométriques et caractérisation des populations .....                         | 29 |
| 2.2. Paramètres biochimiques de santé et sanguins .....                                      | 33 |
| 2.3. Diversité génétique et structure de la population.....                                  | 37 |
| 4. Conservation des ressources génétiques ovines .....                                       | 45 |
| 4.1. Conservation <i>in situ</i> .....   | 45 |
| 4.2. La conservation <i>ex situ</i> .....  | 47 |
| 4.3. Utilisation durable des ressources génétiques ovines .....                              | 47 |
| 5. La filière ovine en Afrique .....   | 49 |
| 5.1. Filière de production de lait de brebis en Afrique .....                                | 50 |
| 5.2. Filière de production de Viande Ovine en Afrique.....                                   | 51 |
| 5.3. Production de la laine de mouton en Afrique .....                                       | 52 |
| 5.4. Production de peau crue.....  | 53 |
| Chapitre 4. Cheptel ovin en Algérie et systèmes d'élevage .....                              | 56 |
| 1. Historique des ovins en Algérie .....   | 56 |
| 2. Effectifs - production ovine et son évolution en Algérie .....                            | 56 |
| 3. Répartition géographique de l'élevage ovin.....   | 57 |
| 4. Système d'élevage ovin en Algérie .....   | 59 |
| 4.1. Système extensif .....  | 59 |
| 4.2. Système semi extensif.....  | 60 |
| 4.3. Système intensif .....  | 60 |
| 5. Présentation des races ovines algériennes .....   | 60 |
| 5.1. Race Ouled Djellal.....   | 61 |
| 5.2. Race Hamra.....   | 64 |
| 5.3. Race Rembi.....   | 66 |
| 5.5. Race Barbarine.....   | 70 |
| 5.6. Race Berbère .....  | 72 |

|  |            |
|--|------------|
| 5.7. Race Sordi, Sardi ou Srandi .....   | 73         |
| 5.8. Race Bleue de la Kabylie ou Tazegzawt.....  | 75         |
| 5.9. Race Sidaou .....   | 77         |
| 5.10. Race Taâdmit .....   | 78         |
| 5.11. Race Darâa ou Noire.....   | 79         |
| 5.12. Race Ifilène .....   | 80         |
| Partie expérimentale.....  | 83         |
| 1. Matériel et Méthodes.....   | 83         |
| 1.1. Caractérisation phénotypique.....   | 83         |
| <b>1.1.1. Zone d'étude.....</b>  | <b>83</b>  |
| <b>1.1.2. Animaux étudiés.....</b>   | <b>84</b>  |
| <b>1.1.3. Variables étudiées .....</b>   | <b>87</b>  |
| <b>1.1.4. Analyses statistiques des caractères quantitatifs et qualitatifs .....</b>           | <b>90</b>  |
| 1.2. Caractérisation génétique.....  | 91         |
| <b>1.2.1. Echantillonnage des populations .....</b>  | <b>91</b>  |
| <b>1.2.2. Caractérisation moléculaire par les microsatellites.....</b>                         | <b>91</b>  |
| <b>1.2.3. Analyse des variations d'insertion/délétion (InDel) dans le gène ovine IRF2BP2 :</b> |            |
| <b>cas des races ovines Maghrébines et une race Iranienne .....</b>                            | <b>93</b>  |
| <b>1.2.4. Méthodes d'analyses génétiques .....</b>   | <b>98</b>  |
| <b>1.2.5. Protocole expérimental .....</b>   | <b>99</b>  |
| <b>1.2.6. Méthodes d'analyse statistique.....</b>  | <b>102</b> |
| <b>1.2.7. Principes des analyses faites en génétique des populations .....</b>                 | <b>103</b> |
| 2. Résultats et Interprétation.....  | 117        |
| 2.1. Caractérisation phénotypique de deux populations Tazegzawt et EL Ham .....                | 117        |
| <b>2.1.1. Variation des individus selon les caractères quantitatifs .....</b>                  | <b>117</b> |
| <b>2.1.2. Variation des individus selon les caractères qualitatifs.....</b>                    | <b>123</b> |
| 2.1. Caractérisation phénotypique de deux populations ovines D'man Adrar et D'man Saoura.....  | 132        |
| <b>2.2.1. Variation des individus selon les caractères quantitatifs .....</b>                  | <b>132</b> |
| <b>2.2.2. Etude des animaux selon les indices zootechniques.....</b>                           | <b>137</b> |
| <b>2.2.3. Variation des individus selon les caractères qualitatifs.....</b>                    | <b>139</b> |



|   |            |
|---|------------|
| <b>2.2.3. Etude des animaux selon l'indice de diversité</b> .....   | <b>143</b> |
| 2.3. Caractérisation génétique.....   | 145        |
| <b>2.3.1. Caractérisation moléculaire de deux populations EL Ham et Tazegzawt</b> .....   | <b>145</b> |
| 2.3.2. Caractérisation moléculaire de deux populations ovines D'man Adrar et D'man Saoura par les microsatellites .....                           | 149        |
| 2.4. Analyse des variations d'insertion/délétion (InDel) dans le gène ovin IRF2BP2 : cas des races ovines Maghrébines et une race Iranienne ..... | 157        |
| <b>2.4.1. Qualité des ADN extraits</b> .....  | <b>157</b> |
| <b>2.4.2. Résultat du génotypage par PCR</b> .....  | <b>157</b> |
| 3. Discussion .....   | 159        |
| 3.1. Caractérisation phénotypique.....  | 159        |
| 3.1.1. Caractérisation phénotypique de deux populations Tazegzawt et EL Ham .....   | 159        |
| <b>3.1.2. Caractérisation phénotypique de deux populations D'man Adrar et D'man Saoura</b> .....  | <b>161</b> |
| 3.2. Caractérisation génétique.....   | 164        |
| <b>3.2.1. Caractérisation moléculaire de deux populations Tazegzawt et EL Ham</b> .....   | <b>164</b> |
| <b>3.2.2. Caractérisation moléculaire de deux populations D'man Adrar et D'man Saoura</b> .....   | <b>166</b> |
| Conclusion et perspectives .....  | 171        |
| Références bibliographiques .....   | 174        |
| ANNEXES .....   | 214        |

## Liste des figures

|   |    |
|---|----|
| Figure 1. Séquence contenant une répétition GTn.....  | 16 |
| Figure 2. Modèle de "slippage réplication" permettant d'expliquer l'augmentation ou la diminution du nombre de répétitions dans un microsatellite ..... | 17 |
| Figure 3. Le mouflon d'Asie <i>Ovis orientalis larstancia</i> .....   | 23 |
| Figure 4. Caryotype d'un ovin .....   | 26 |
| Figure 5. Production du lait de brebis (Millions de tonnes) en Afrique en 2009 et 2019.   | 51 |
| Figure 6. Production de viande ovine (millions de tonnes) en Afrique en 2009 et 2019 ..   | 52 |
| Figure 7. Production de laine de mouton (tonnes) dans le monde en 2009 et 2019 .....  | 53 |
| Figure 8. Répartition des races ovines au niveau du territoire Algérien .....   | 59 |
| Figure 9. Bélier Ouled Djellal.....   | 64 |
| Figure 10. Brebis de la race Ouled Djellal .....  | 64 |
| Figure 11. Paramètres d'identification morphologique de la race Hamra .....   | 65 |
| Figure 12. Béliers de race Hamra .....  | 65 |
| Figure 13. Brebis de la race Hamra.....   | 65 |
| Figure 14. Les trois variétés de la race Hamra .....  | 66 |
| Figure 15. Béliers (a) et brebis (b) de race Rembi.....   | 67 |
| Figure 16. Antenaises D'man à Adrar.....  | 70 |
| Figure 17. Bélier D'man à l'ITELV de Saïda .....  | 70 |
| Figure 18. Bélier de race Barbarine .....   | 71 |
| Figure 19. Brebis Barbarine aux Sahara de Oued Souf .....   | 72 |
| Figure 20. Bélier Barbarine à l'ITELV Saïda.....  | 72 |
| Figure 21. Bélier Srandi avec des pigmentations noires à Nâama.....   | 75 |
| Figure 22. Antenais Srandi avec des pigmentations marrons à Mechria (Nâama) (Djaout et Rabhi, 2015). .....  | 75 |
| Figure 23. Antenais Srandi avec des pigmentations irrégulières dans la région de Tlemcen .....  | 75 |
| Figure 24. Brebis Tazegzawt à Béjaïa .....  | 77 |
| Figure 25. Bélier Tazegzawt à Mechria (Nâama) (Djaout et Rabhi, 2015).....  | 77 |
| Figure 26. Brebis Chakhma à Mechria (Nâama) .....   | 77 |
| Figure 27. Bélier Sidaou à Djanet (Illizi).....   | 78 |
| Figure 28. Brebis Sidaou à Laghouat .....   | 78 |
| Figure 29. Bélier Taâdmit à Djelfa (Taâdmit).....   | 79 |
| Figure 30. Brebis Darâa dans la région de Tlemcen .....   | 80 |
| Figure 31. Bélier de la race Ifilène à Djanet (Illizi) .....  | 81 |
| Figure 32. Représentation des régions d'étude.....  | 84 |
| Figure 34. La population de D'man Adrar .....   | 85 |
| Figure 33. La population de D'man Saoura(ITDAS Abadla) (Photo originale) .....  | 85 |
| Figure 35. La population Tazegzawt .....  | 86 |
| Figure 36. La population EL Ham.....  | 86 |

|   |     |
|---|-----|
| Figure 37. Les différentes mensurations corporelles effectuées.....   | 89  |
| Figure 38. Représentation des régions de l'étude moléculaire par les microsatellites.....   | 91  |
| Figure 39. Répartition des troupeaux échantillonnés de seize races ovines.....  | 94  |
| Figure 40. Photos des races ovines étudiées en Algérie.....   | 95  |
| Figure 41. Photos des races ovines étudiées en Tunisie .....  | 95  |
| Figure 42. Photos des races ovines étudiées en Iran.....  | 96  |
| Figure 43. Variation du type de toison observée chez les races algériennes .....  | 96  |
| Figure 44. Photos des écotypes D'man _Alg étudiés : Ecotype 1 : toison de type poilue, Ecotype 2 : toison de type laineuse .....  | 98  |
| Figure 45. La position des amorces dans la séquence cible du gène IRF2BP2 F (Forward), .....  | 100 |
| Figure 46. Graphique des premier et deuxième composants ACP représentant les traits morphométriques des populations Tazegzawt et EL Ham.....  | 121 |
| Figure 47. Arbre hiérarchique utilisant la distance moyenne des traits morphologiques des ovins. ....   | 121 |
| Figure 48. Présentation des individus par ACP des populations ovines étudiées .....   | 122 |
| Figure 49. Représentation graphique des variables par Analyse des Correspondances Multiples (ACM) .....   | 127 |
| Figure 50. Arbre hiérarchique utilisant la distance moyenne (entre classes) chez les animaux étudiés .....  | 128 |
| Figure 51. Présentation des individus par ACM .....   | 128 |
| Figure 52. Présentation des individus de la population ovine étudiée.....   | 135 |
| Figure 53. Arbre hiérarchique utilisant la distance moyenne (entre les classes) chez les animaux étudiés en fonction des mesures corporelles.....   | 136 |
| Figure 54. Représentation graphique des variables par ACM .....   | 140 |
| Figure 55. Arbre hiérarchique utilisant la distance moyenne (entre classes) chez les animaux étudiés .....  | 141 |
| Figure 56. Présentation des individus par ACM .....   | 141 |
| Figure 57. A. B. informations Shanon sur la diversité (sH) à l'aide de 15 microsatellites dans les populations ovines étudiées .....  | 147 |
| Figure 58. Relations phylogénétiques individuels chez les ovins selon les génotypes microsatellites. Les parcelles représentent des individus. OD : Ouled Djellal, REM : Rembi, HMR : Hamra, SID : Sidaou, HAM : EL Ham, TEZ : Tazegzawt.....                       | 148 |
| Figure 59. Diagrammes de dispersion de l'analyse discriminante des composantes principales (DAPC) (A) et probabilités d'appartenance (B) sur les données de génotype des microsatellites. Les races sont représentées par différentes couleurs et les points r148   |     |
| Figure 60. A. Pourcentages de variance moléculaire (AMOVA) et B. Pourcentages d'informations de Shannon (sH) .....  | 150 |
| Figure 61. Relations phylogénétiques chez les ovins individuels selon les génotypes microsatellites. Les parcelles représentent des individus. OD : Ouled Djellal, RE : Rembi, Ta : Taadmit, Si : Sidaou, DmA : D'man Adrar, DmS : D'man Saoura.....                | 153 |
| Figure 62. L'arbre phylogénétique représente la relation génétique entre les races ovines étudiées selon la distance de Reynolds. Les parcelles représentent des individus. OD : Ouled Djellal, Re : Rembi, Ta : Taadmit, Si : Sidaou, DmA : D'man Adrar, DmS ..... | 154 |

**Figure 63. Probabilités d'adhésion sur les données de génotype microsatellite. Les races sont représentées par différentes couleurs, et les points représentent différents individus. .... 155**

**Figure 64. Diagrammes de dispersion de l'analyse discriminante en composantes principales (DAPC). Les races sont représentées par différentes couleurs et les points représentent différents individus ..... 155**

**Figure 65. Schéma d'électrophorèse des différents génotypes observés : II (465pb), ID (465 Pb, 225 Pb) et DD (225 Pb, 225 Pb) résultant de la séquence cible de l'amplification du gène IRF2BP2 chez les races ovines étudiées ..... 158**

## Liste des tableaux

|  |     |
|--|-----|
| Tableau 1. Systématique du mouton domestique (Marmet, 1971) .....  | 22  |
| Tableau 2. Les races ovines d’Afrique .....  | 28  |
| Tableau 3: Cractéristiques des variétés de la race Ouled Djellal (Djaout <i>et al.</i> , 2017)... 63   | 63  |
| Tableau 4. Caractéristiques majeures de la race Rembi (Djaout <i>et al.</i> , 2017).....   | 67  |
| Tableau 5. Caractéristiques majeures de la race Barbarine (Djaout <i>et al.</i> , 2017). .....   | 72  |
| Tableau 6. Caractéristiques majeures de la race Berbère (Djaout <i>et al.</i> , 2017). .....   | 73  |
| Tableau 7. Caractéristiques majeures de la race Tazegzawt (Djaout <i>et al.</i> , 2017).....   | 76  |
| Tableau 8. Récapitulatif de la répartition des échantillons par population et par sexe ..  | 84  |
| Tableau 9. Récapitulatif de la répartition des échantillons par race et par sexe .....   | 85  |
| Tableau 10. Les différents indices zootechniques étudiés.....  | 87  |
| Tableau 11. Les mensurations corporelles étudiées .....  | 88  |
| Tableau 12. La répartition des échantillons de la population ovine étudiée selon la région .....   | 92  |
| Tableau 13. Caractéristiques et informations des races ovines étudiées.....  | 97  |
| Tableau 14. Les conditions de cyclage thermique utilisées pour PCR .....   | 100 |
| Tableau 15. La séquence et la position des amorces de PCR .....  | 100 |
| Tableau 16. Variation des mensurations selon la population.....  | 117 |
| Tableau 17. Variation des individus selon le sexe .....  | 118 |
| Tableau 18. Variation des variables selon l'âge.....   | 119 |
| Tableau 19. Classification des animaux de deux populations ovines étudiées par ACP   | 122 |
| Tableau 20. Analyse descriptive des caractéristiques qualitatives des deux populations ovines .....  | 123 |
| Tableau 21. Analyse descriptive des caractères qualitatifs de deux populations ovines Tazegzawt et EL Ham.....   | 125 |
| Tableau 22. Caractéristiques des classes déterminées par l'analyse ACM.....  | 128 |
| Tableau 23. Les mensurations corporelles selon la population.....  | 132 |
| Tableau 24. Variations des variables selon le sexe de chaque population .....  | 133 |
| Tableau 25. Classification des animaux de la population ovine étudiée par ACP .....  | 136 |
| Tableau 26. Variations des indices zootechniques.....  | 138 |
| Tableau 27. Analyse descriptive des traits qualitatifs dans les deux populations .....   | 139 |
| Tableau 28. Caractéristiques des classes déterminées par l'analyse ACM.....  | 142 |
| Tableau 29. Indice de diversité de Shannon et Weaver H' de chaque caractère quantitatif étudiée dans les différentes régions .....                               | 143 |
| Tableau 30. Mesures de la diversité génétique des populations ovines Tazegzawt et EL Ham .....   | 145 |
| Tableau 31. Matrice de population par paires de la distance génétique Nei au-dessus et des valeurs Fst au-dessous de la diagonale.....                           | 146 |
| Tableau 32. Résumé des résultats de l'affectation de la population à la population « Intra- population » ou « Inter-population » (avec option d'exclusion) ..... | 146 |
| Tableau 33. Mesures de la diversité génétique des populations ovines .....   | 149 |
| Tableau 34. Valeurs d'affectation (avec l'option d'en exclure un) - Probabilités logarithmiques affichées comme positives .....                                  | 150 |

|   |            |
|---|------------|
| <b>Tableau 35. Matrice de population par paires de la distance génétique Nei au-dessus et des valeurs Fst en dessous de la diagonale .....</b>  | <b>151</b> |
| <b>Tableau 36. Les mesures de la variabilité génétique.....</b>   | <b>151</b> |
| <b>Tableau 37. Fréquences génotypiques et alléliques et indices de population pour InDel de 240 pb dans l'UTR 3' du gène IRF2BP2 ovin .....</b> | <b>158</b> |

## Liste des abréviations

**ADNc** : Acide Désoxyribonucléique complémentaire

**QTL** : Quantitative Trait Loci

**QTN** : Quantitative Trait Nucleotide

**RFLP** : Restriction Fragment Length Polymorphism

**ADNmt** : L'ADN mitochondrial

**RAPD** : Retom Amplified Polymorphic DNA

**AFLP** : Amplified Fragment Length Polymorphism

**VNTR** : Variable Number of Tetem Repeat

**EST** : Expressed Sequence Tag

**ESTP** : Expressed Sequence Tag Polymorphism

**SNP** : Single nucleotide polymorphism

**O** : Ovis

**AnGR** : §§§ !!!!!!!!!!!

**JC** : Jesus-christ

**ITELV** : Institut techniques des élevages

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

**INRAA** : Institut National de Recherche Agronomique Algérien

**PV** : poids vif

**DAGRIS** :

**RW**: la largeur de la croupe

**RL**: la longueur de la croupe

**WH**: la hauteur au garrot

**TL**: longueur de la queue

**HG** : tour de poitrine

**PG**: la circonférence de la panse

**RH**: la hauteur de la croupe

**EL** : longueur des oreilles

**FLL**: longueur de la patte avant

**RLL**: longueur de la patte arrière

**BL** : longueur du corps

**SW**: largeur des épaules

**NC:** circonférence du cou  
**HeL:** longueur de la tête  
**HW :** largeur de la tête  
**HL:** la longueur des cornes  
**HoL:** la longueur des jarrets  
**ACP:** Analyse en Composantes Principales  
**UL:** la longueur du pis  
**UW:** la largeur du pis  
**UC:** la circonférence du pis  
**DT:** la distance entre les trayons  
**TL:** la longueur des trayons  
**TW:** la largeur des trayons  
**TC:** la circonférence des trayons  
**TF :** locus transferrine  
**Pb :** Paire de base  
**ANOC :** l'Association Nationale des Ovins et des Caprins  
**E :** Est  
**N :** Nord  
**ITDAS :** l'Institut Technique du Développement de l'Agronomie Saharienne  
**CI:** Indice cephalic  
**BI:** Indice du corps  
**LI :** Indice de longueur  
**DT:** Relier la profondeur du thorax  
**WS :** Pente largeur  
**TD :** Développement thoracique  
**DTI :** Indice dactylo-thoracique  
**LSI :** Longueur scapulo-ischiale  
**HG :** hauteur au garrot  
**HD :** hauteur au dos  
**HS :** hauteur au sacrum  
**HP :** profondeur de poitrine ou hauteur de poitrine  
**TP :** tour droit de poitrine  
**LE :** largeur aux épaules  
**LH :** largeur aux hanches ou largeur du bassin



**Ltro** : largeur aux trochanters  
**Lisch** : largeur aux ischiums  
**LB** : longueur du bassin  
**tL** : longueur de la tête  
**tla** : largeur de la tête  
**oL** : longueur de l'oreille  
**ola** : largeur de l'oreille  
**Pc** : périmètre du canon  
**ACM** : analyse factorielle des correspondances multiples  
**CHA** : classification hiérarchique ascendante  
**Bar** : Barbarine  
**Ber** : Berbère  
**D'mn** : D'man  
**Dar** : Darâa  
**Ham** : Hamra  
**Ifi** : Ifilène  
**OD** : Ouled Djellal  
**Rem** : Rembi  
**Sar** : Sardi  
**Sid** : Sidaou  
**Taad** : Tâadmit  
**Taz** : Tazegzawt  
**QFO** : Queue Fine de l'Ouest  
**NT** : Noire de Thibar  
**SS** : Sicilo Sarde  
**n** : Nombre  
**D'man\_Alg**: D'man Algérien  
**mM** : millimol  
**µL** : micromol  
**nm** : millimètre  
**°C** : Degrés celssus  
**F** : Forward  
**R** : Reverse  
**Kb** : Kilo base

**mμ** : millimol  
**ng** : nanogramme  
**min** : minute  
**II** : Insertion insertion  
**ID** : Insertion Délétion  
**DD** : Délétion Délétion  
**sH**: Information de Shannon  
**MNA**: le nombre moyen d'allèles  
**Na** : Nombre d'allèles  
**Ne**: allèles efficaces  
**I**: Index d'informations Allèles  
**Ho**: Hétérozygotie observée  
**He**: Hétérozygotie attendue  
**uHe**: Hétérozygotie attendue impartiale  
**Fis**: Indice de fixation  
**DAPC**: des diagrammes à barres des probabilités d'appartenance  
**AFC** : Analyse multidimensionnelle  
**EHW** : l'équilibre d'Hardy-Weinberg  
**PIC** : Taux de polymorphisme  
**He** : l'hétérozygotie théorique  
**GST** : coefficient de différenciation génétique  
**H<sub>T</sub>** : La diversité génétique totale  
**H<sub>S</sub>** : diversité intra-population  
**DST** : diversité inter-population  
**MCMC** : Markov Chain Monte-Carlo  
**ns** : Non significatif  
**ACM** : Analyse des Correspondances Multiples  
**HC**: la couleur de la tête  
**LC**: la couleur des jambes  
**WC**: la couleur de la laine  
**TF**: le type de toison  
**T**: la couleur de la queue  
**Barbarine\_Tun** : Barbarine Tunisienne  
**EDTA** : Ethylène diamine tétra acétique

**MgCl<sub>2</sub>** : Chlorure de Magnésium

**NaCl** : Chlorure de sodium

**SE** : Erreur standard

# *Introduction*

### Introduction

La diversité biologique est le réservoir naturel de toutes les ressources génétiques (animale, végétales et microbiennes) ainsi que les relations qui peuvent exister entre elles. Partant de ce concept fondamental, il devient aisé de comprendre l'intérêt de celle-ci dans la pérennité, le développement et l'épanouissement de l'espèce humaine, qui ne peuvent se réaliser durablement sans elle (**Abdelguerfi et Ramdane, 2003**).

L'érosion et la disparition de patrimoines génétiques, végétaux et animaux, durant les dernières décennies constituent un défi majeur pour les personnes et les organismes impliqués dans la conservation de la diversité biologique. La préservation de la diversité des ressources biologiques et leur gestion durable constitue un pilier dans tout programme de développement de l'agriculture et de l'alimentation. La diversité des races animale locales est en effet un atout.

De toutes les espèces, l'ovin algérien fait preuve d'une grande diversité génétique ou ressource génétique se compose de plusieurs races bien adaptées à leurs milieux, dont leurs performances de production sont hétérogènes et leurs caractéristiques morphologiques sont aussi diverses qui semblent avoir (**Madani et al., 1993**) cité par (**Ben Youcef et al., 1995**) une origine génétique différente et qui militent pour la mise en œuvre d'un travail d'identification de critères de sélection.

En Algérie, l'élevage ovin est l'une des activités stratégiques les plus traditionnelles ; ainsi, il joue un rôle important tant dans l'économie agricole nationale que pour les éleveurs et fournissant une réserve financière considérable.

La protection des races ovines algériennes doit attirer l'attention des plus hautes instances gouvernementales du pays, compte tenu des menaces d'extinction auxquelles est confronté le patrimoine naturel du pays, tant en termes d'animaux que de plantes. De plus, l'Algérie est une nation réputée pour ses traditions et son savoir-faire en matière d'élevage ovin. Selon les statistiques du ministère de l'Agriculture et de la Pêche, la main-d'œuvre masse de l'Algérie, 28 millions de têtes en 2018, montre l'importance de l'élevage ovin pour le pays (**MADR, 2018**). Ce cheptel est composé de douze races avec différents niveaux de tolérance aux

conditions sèches, steppiques et sahariennes ainsi que de résistance, de procréation, de rendement en viande, en lait et en laine (**Djaout et al., 2017**).

La valorisation par le croisement de la variabilité entre races constitue depuis longtemps une voie importante d'amélioration génétique. Elle permet en effet de tirer profit des effets d'hétérosis et de complémentarité. Ces ressources ne sont guère exploitées de façon appropriée. Les espèces avec toutes les races, les variétés et les populations qui les caractérisent sont en voie d'extinction. Les raisons de disparition des standards phénotypiques peuvent se résumer en l'absence de l'intervention et le suivi de l'état, les éleveurs sont livrés à eux-mêmes et par conséquent les élevages sont devenus désorganisés, les reproductions non maîtrisées et les croisements se font d'une façon anarchique entre les différentes régions du pays.

Malheureusement, certaines races sont en fort déclin, tandis que d'autres sont carrément en voie de disparition. De ce fait, l'élaboration d'une stratégie de gestion de ce potentiel devient essentielle. Cependant, cela ne peut être fait qu'après une compréhension complète de l'histoire locale des moutons. L'identification des populations à l'aide de descripteurs de répartition morphologique et géographique est la première étape de la caractérisation des ressources génétiques locales. Ces caractéristiques permettent de comprendre à quel point les traits morphologiques peuvent être différents (**Delgado et al., 2001**). De plus, différentes mesures corporelles peuvent être utilisées pour calculer les indices zootechniques afin d'identifier plus précisément les populations et de développer des stratégies d'amélioration. Un système d'index a été créé par **Alderson (1999)** pour évaluer les types et les fonctions des bovins. Il a ajouté que d'autres espèces pourraient utiliser la technique proposée.

La population de Tazegzawt est reconnaissable à ses taches noires aux reflets bleutés ; cette race est localisée dans les montagnes de Kabylie (Tizi-Ouzou et Béjaïa à 1200m d'altitude) où elle ne compte qu'un nombre très faible (maximum 300 animaux). Cette race a fait l'objet de plusieurs projets de recherche

La population EL Ham se trouve principalement dans la région de Mechria (Nâama) où les éleveurs lui donnent le nom EL Ham qui signifie aussi bleu dans le dialecte local. Cette race compte au moins 400 animaux avec plusieurs éleveurs dans cette région. Cette race est considérée en danger d'extinction en Algérie (**Djaout et al., 2017**).

La race D'man est controversée car elle diffère de D'man à D'men via Demman en fonction des nations et des régions du Maghreb élargi. Les deux populations peuvent être clairement distinguées l'une de l'autre. La répartition des couleurs sur le corps est un domaine où il existe des différences phénotypiques et moléculaires entre les races, notamment au niveau de la population de la race D'man (**Djaout et al., 2017 ; Ameer Ameer et al., 2018**). Cette race est l'une des races ovines les plus prolifiques au monde et se distingue par son excellent rendement reproducteur (**Boujenane, 1995 ; Boujenane, 2003**).

Plusieurs études ont été menées sur la caractérisation des races ovines algériennes (**Gaouar 2002 ; Gaouar, 2009 Djaout et al., 2017**), dont les Hamra (**Benyoucef et al., 1995 ; Belharfi et al., 2017**), Ouled-Djellal (**Dekhili et Aggoun 2013, Harkat et al., 2015 ; Belharfi et al., 2017 ; Djaout et al., 2018a**), Rembi (**Djaout et al., 2015 ; Laoun et al., 2015**), Berbère (**Djaout et al., 2018b**).

Malheureusement, il existe peu de recherches sur la race Tazegzawt (**Moula et El-Bouyahyaoui, 2015 ; 2021 ; Gaouar et al., 2016 ; Ameer Ameer et al., 2017 ; Djaout et al., 2017 ; Moula, 2018**). Et très peu de travaux ont été réalisés sur les caractéristiques phénotypiques de la race D'man. Aucune étude n'a cependant fait de comparaison entre les populations D'man de l'Adrar et de la Saoura. Cependant, une seule étude sur la reproduction (**Boubekeur et al., 2019**).

L'amélioration de la production de laine et de poils de mouton est d'une importance cruciale dans plusieurs pays (**Purvis et Franklin, 2005**). En tant que l'un des traits les plus importants, le poids de la toison et la qualité de la laine ont reçu beaucoup plus d'attention (**Holman & Malau-Aduli, 2012**), en particulier en Afrique du Nord (Algérie, Tunisie) et dans certains pays asiatiques comme l'Iran, la laine vient en deuxième position après la viande, Sauf pour la race Sicilo Sarde élevée pour la production laitière. (**Ansari-Renani, 2012 ; Harizi et al., 2015 ; Belharfi et al., 2018**). La laine est vendue sur le marché local et utilisée dans l'industrie et l'artisanat. Surtout le tapis, mais aussi en Algérie et en Tunisie il servait à produire des vêtements et tout pour la maison (oreiller, matelas et couverture) (**Djennadi, 2006 ; arizi & Abidi, 2015**). L'origine moléculaire de la variation du type de toison (laineux vs poilu) a été résolue récemment (**Demars et al., 2017**). Ces auteurs ont démontré que l'allèle « laineux » résulte de l'insertion d'un rétrogène EIF2S2 antisens (appelé EIF2S2) dans la 3'UTR du gène IRF2BP2. Ces résultats mettent également en lumière la variation évolutive du type de toison indiquant que les espèces ovines ancestrales sont caractérisées par une toison

longue et poilue (**Demars et al., 2017**). Contrairement à la première vague de domestication des moutons dans laquelle les moutons étaient élevés pour la production de viande, la deuxième vague de domestication impliquait l'amélioration des caractères de la laine et du lait (**Chessa et al., 2009 ; Demars et al., 2017**). La tendance évolutive de la toison des moutons domestiques s'est accompagnée d'un déplacement des fibres pour devenir moins poilues conduisant les moutons domestiques modernes (*Ovis aries*) à avoir une toison courte et laineuse.

Les études sur la toison sont minimales voire absentes dans les pays du Maghreb (Algérie et Tunisie) et en Iran. Pourtant, l'artisanat est une activité qui se distingue par son authenticité, son exclusivité et sa créativité. Elle est étroitement liée au développement du territoire dans la mesure où elle puise son essence dans un mode de vie propre à chaque région et alimente ses activités en moyens de production locaux, notamment en matières premières comme la laine. Malheureusement, les éleveurs qui fournissent cette matière première aux artisans ont du mal à classer les meilleures races à toison de type poilu et les races à toison de type laineux. De plus, étant donné la variabilité phénotypique de ce caractère au sein de chaque race ne complique encore plus le choix par les éleveurs d'animaux à élever pour une production spécialisée (laine ou poil).

Aucune étude ne s'est focalisée sur le polymorphisme du gène IRF2BP du mouton, après que l'association ait été confirmée par **Demars et al. (2017)**, l'analyse de cette variation des races de différentes régions et origines est donc intéressante.

Le manque important d'information sur les populations Tazegzawt, EL Ham, D'man Adrar et D'man Saoura ainsi que le rapprochement morphologique visuel entre elles nous a poussé à réaliser une étude de caractérisation (morphologique et moléculaire) afin de mieux les caractériser et de savoir si ces populations sont des variétés de la même race ou elles constituent des races différentes.

Et une autre étude était de se faire une idée sur le polymorphisme génétique de la variation du type de toison ovine (laineux et poilu), et de contribuer davantage aux résultats qui lient les variations génétiques au locus IRF2BP2 à ce phénotype sur 17 races ovines, d'Algérie, la Tunisie et l'Iran.

Notre travail est présenté sous des chapitres :



## *INTRODUCTION*

- Première partie de la thèse synthétise une bibliographie qui explique la situation actuelle du cheptel ovin en Algérie avec une présentation générale de l'espèce ovine et des races locales organisée en quatre chapitres :
- Deuxième partie, rapporte le matériel et la méthodologie d'étude où nous avons La partie expérimentale comprend deux chapitres. Le premier, porte sur les matériels et les méthodes utilisées, la description de la zone d'étude et les types et effectifs d'animaux investigués par des enquêtes sur tout le territoire national et les prélèvements des échantillons sanguins. Le second chapitre présente les résultats de la caractérisation phénotypique et génétique dans l'estimation de la variabilité génétique intra-population et entre population ovines locales algériennes.

*Partie*

*Bibliographique*

## **PARTIE BIBLIOGRAPHIQUE**

### **Chapitre 1. Biodiversité des ressources zoogénétiques et zootecniques**

#### **1. Importance de la biodiversité des animaux d'élevage**

La biodiversité désigne la variation de toutes les formes de vie en allant des microorganismes jusqu'aux plantes et animaux. Le mot biodiversité est couramment utilisé dans un sens plus opérationnel : biodiversité génétique au sein d'une espèce (les variations de couleur des coquilles d'escargot, les races bovines, etc.), biodiversité des espèces occupant un lieu donné (la diversité des espèces d'oiseaux dans les zones humides, etc...), biodiversité des communautés (coexistence locale de végétaux, d'herbores et de carnores, etc.), et biodiversité des paysages (forêts, bocages, prairies, etc.) (**Wilson, 2000 ; Arnould *et al.*, 2005**).

Certains chercheurs pensent qu'à la fin de ce siècle, la moitié de la biodiversité spécifique aura disparu. La raison de l'hécatombe actuelle réside dans l'exploitation toujours croissante des ressources naturelles par l'homme. Environ 20 % des races ovines, caprines, bovines, porcines, équines et avicoles du monde présentent actuellement un risque d'extinction, selon le rapport, qui constitue la première évaluation mondiale de biodiversité des animaux d'élevage et de la capacité des pays de gérer leurs ressources zoogénétiques (**FAO, 2007**).

Pendant longtemps, les scientifiques ont accumulé des connaissances sur la nature sans se préoccuper de la conservation des systèmes naturels et de leur diversité biologique (**Lévêque et Mounolou, 2001**).

Si nous ne prenons pas les mesures nécessaires, nous perdrons l'opportunité de tirer profit des avantages potentiels que la diversité génétique offre à l'humanité. Enfin, on reconnaît maintenant que la diversité biologique joue un rôle dans les grands équilibres de la biosphère.

#### **2. Origine de la diversité génétique**

##### **2.1. Polymorphismes génétiques**

La façon la plus simple de définir la biodiversité est de la présenter comme la diversité de toutes les formes du vivant. Pour un scientifique, c'est toute la variété du vivant étudiée à trois niveaux : les écosystèmes, les espèces qui composent les écosystèmes, et enfin les gènes que l'on trouve dans chaque espèce. L'étude de cette diversité est possible grâce aux marqueurs

morphologiques, aux groupes sanguins, aux marqueurs protéiques et grâce à l'analyse de l'ADN, à ces niveaux la diversité des formes est appelée polymorphisme.

La diversité que l'on observe entre les individus est le reflet du polymorphisme du génome. L'étude de cette diversité est possible grâce aux marqueurs morphologiques, aux groupes sanguins, aux marqueurs protéiques et grâce à l'analyse de l'ADN. On parle de polymorphisme génétique à un locus lorsqu'il existe dans la population deux allèles au moins à ce locus, avec comme condition, dans le cas le plus simple de biallélisme, que la fréquence de l'allèle le plus rare soit supérieure à 1% ou 5% (**Moazami-Goudarzy, 1994**).

## **2.2. Forces évolutives**

Les polymorphismes de l'ADN, rencontrés dans une population à un moment déterminé, résultent de mutations apparaissant dans la lignée germinale d'un individu et qui ne sont pas corrigées par le système enzymatique de réparation de l'ADN. Le sort de ces mutations germinales est déterminé par des effets stochastiques ou bien par effet de sélection.

Ce polymorphisme est, entre autre, utilisé pour pouvoir caractériser des races et en déduire leurs origines. En effet, on constate que deux races différentes se distinguent par un nombre plus ou moins grand d'allèles, mais en possèdent souvent un certain nombre en commun, avec des fréquences souvent inégales. Plus les fréquences alléliques seront similaires ou plus le nombre d'allèles qu'elles auront en commun sera élevé, plus les deux races seront apparentées. (**Robertson et Asker, 1951**) ont montré le rôle prépondérant joué dans le développement d'une race par un nombre limité de familles reproductrices.

### **a. Mutation**

Le terme mutation est utilisé pour désigner une modification irréversible de l'information génétique et héréditaire. Les mutations peuvent engendrer trois types de polymorphisme : variations ponctuelles, réarrangements de séquences (insertions, délétions, inversions ou duplications) et des variations du nombre de répétitions de séquences anonymes. Dans un certain nombre de cas, ces événements n'ont pas d'influence visible : c'est notamment le cas lorsque la mutation touche une zone de l'ADN non impliquée dans la structure, la régulation de l'ADN ou le codage d'une protéine donnée. Dans d'autres cas, en un locus donné, la mutation provoque le changement d'un allèle en un autre déjà présent ou totalement inconnu dans la population. Les mutations qui intéressent le généticien sont celles qui sont

susceptibles d'être transmises à la descendance (celles qui interviennent dans les cellules de la lignée germinale)

### **b. 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**)

### **c. 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 immigrés ne sont pas liés les uns aux autres, les immigrés détruisent la relation d'identité génétique au sein de la population d'accueil (**Rognon et Verrier, 2007**).

#### **d. 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),

### **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.

#### **3.1. Méthodes morpho-biométriques**

Le phénotype désigne simplement l'observation des caractéristiques animale (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 animale. 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**). Une différence d'expression phénotypique peut s'expliquer par une différence réelle au niveau génétique mais elle peut être également due à une variabilité de l'expressivité ou de la pénétrance.

La pénétrance est la fréquence d'expression d'un caractère dominant par rapport au nombre de porteurs connus de ce gène dans la population, et l'expressivité correspond au degré d'intensité du caractère en rapport avec un trait héréditaire. Ceci constitue les limites de l'utilisation des caractères morphologiques pour la reconstruction de la phylogénie des races et leur caractérisation. Il n'existe d'ailleurs dans ce domaine qu'un nombre limité d'études en ce qui concerne notre cheptel ovin dont l'ouvrage principal est celui de **Chellig (1992)** que nous avons utilisé comme référence.

Aussi, on remarque que l'identification morphologique de notre cheptel ovin est rendue difficile par le fait que certaines races se ressemblent tellement que seul un œil très expert pourrait les distinguer. C'est le cas par exemple de la race Taâdmit et Ouled-Djellal ou celui de la race D'man avec la race Targuia.

Les enquêtes sur terrain sont entreprises pour collecter de façon systématique les données nécessaires à identifier les populations et décrire leurs caractéristiques visibles, la distribution géographique. Les résultats des différentes techniques d'enquête doivent être vérifiés par des études génétiques moléculaires complémentaires.

En général, des échantillons de 20 à 50 individus de chaque race 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 hautement 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**).

### 3.2. Méthodes biochimiques ou immunogénétiques

L'étude du polymorphisme protéique permet la caractérisation des races animale. La technique couramment utilisée pour mettre en évidence ce polymorphisme est l'électrophorèse. Elle permet de séparer les protéines en fonction de leur charge et de leur poids moléculaire. Par suite de la dégénérescence du code génétique, seulement trois mutations sur quatre, environ, provoquent la substitution d'un acide aminé par un autre dans la protéine. En outre, le tiers seulement de ces substitutions, en moyenne, modifie la charge nette de la protéine et sont donc décelables par électrophorèse. Cette technique ne permet donc, de détecter, au niveau de la protéine, que le quart environ des mutations existant dans la partie codante du gène correspondant (**Grosclaude, 1988**).

Les caractères immunologiques et biochimiques ont un mode de transmission héréditaire assez simple et conforme aux lois de la génétique mendélienne.

Les systèmes, les mieux connus, sont les groupes sanguins et les protéines du sang. Ces systèmes sont génétiquement indépendants les uns des autres ; leur analyse permet de mieux caractériser le patrimoine héréditaire des races par rapport aux études basées sur les caractères morphologiques

Chez les ovins et les bovins, on connaît respectivement 8 et 13 systèmes sanguins répartis sur plusieurs loci polymorphes (**Delacretaz-Wolff, 1997**). Cet auteur a étudié cinq races ovines suisses (Blanc des Alpes, Brun-noire du pays, Oxford, Nez noir du Valais et le mouton des Hauts-Grisons) pour leur caractérisation ; les fréquences alléliques des facteurs sanguins et des protéines sériques ont été calculées. Les différences de fréquences obtenues pour les spécificités sanguines, ont été testées et reconnues statistiquement significatives, permettant donc la caractérisation de ces races par les groupes sanguins. Les groupes sanguins sont essentiellement utilisés pour l'identification individuelle et les contrôles de filiation (**Moazami-Goudarzy, 1994**).

Par ailleurs, on dénombre 80 protéines, enzymes sériques, érythrocytaires et tissulaires, contrôlées par 50 loci dans une dizaine d'espèces animale étudiées. Parmi celle-ci, 14 sont polymorphes chez le mouton (**Mc Dermid et al., 1975**). Les protéines sériques étudiées chez le mouton sont nombreuses ; parmi elles : la transférine, l'albumine, l'hémoglobine, l'amylase I et l'anhydrase carbonique II. La transférine est la protéine sérique la plus polymorphe chez le mouton, on compte 12 variants clairement reconnus (**Delacretaz-Wolff, 1997**). Certains



variants de la transférine (H et K) ont été découverts lors d'une étude sur 6 races ovines en Tchécoslovaquie (**cité par Delacretaz-Wolff, 1997**). Par ailleurs, l'albumine présente 6 allèles différents ainsi que l'hémoglobine dont 2 allèles majoritaires A et B. Par contre, l'anhydrase carbonique II a seulement 3 allèles différents (**Delacretaz-Wolff, 1997**).

Chez les bovins, la synthèse de 1000 publications concernant le polymorphisme protéique, réalisée (**Baker et Manwell, 1980**) a permis d'établir l'arbre phylogénétique de 196 races. Pour cette étude, dix locus polymorphes ont été considérés dont les cinq protéines du sang précédemment cités et cinq protéines du lait.

En raison des enjeux économiques dans l'industrie litière et fromagère, les protéines du lait ont fait l'objet de nombreuses études, du moins chez les bovins et les caprins vu leurs intérêts, très peu d'études ont été réalisées chez les ovins.

Les caséines  $\alpha$ 1-,  $\alpha$ 2-, et  $\beta$  lactalbumine et la  $\kappa$ -lactoglobuline sont les six principales protéines du lait des bovins. La fréquence des variants génétiques des lactoprotéines est très différente d'une population à l'autre, ce qui permet de les caractériser et d'en établir éventuellement les relations phylogénétiques.

Enfin, à ce jour, on ne connaît aucune étude réalisée sur les races ovines, caprines ou bovines algériennes concernant leur polymorphisme biochimique.

### **3.2.1. Marqueurs biochimiques**

#### **3.2.1.1. 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**).

Les groupes sanguins sont essentiellement utilisés pour l'identification individuelle et les contrôles de filiation. Selon une étude réalisée sur les marqueurs utilisés actuellement pour la caractérisation de races ovines, caprines et bovines, les groupes sanguins sont analysés dans 9 % des travaux concernés par cette étude (**Baumung et al., 2004**).

#### **3.2.1.2. Protéines**

C'est grâce à la technique de l'électrophorèse sur gel qu'il a été possible de mettre en évidence les variantes protéiques. Cette technique est basée sur une migration différentielle des protéines à travers un gel sous l'effet d'un champ électrique. Les études de variantes

protéiques ou allozymes (enzymes sériques, érythrocytaires et tissulaires) deviennent alors un outil standard pour l'investigation de la variation biochimique et fournissent le premier moyen non biaisé d'estimer la variabilité du génome. Ces marqueurs ont été (et sont encore) largement utilisés pour des études de génétique des populations. En effet, 15 % des études de caractérisation récentes sont réalisées en utilisant des allozymes (**Baumung et al., 2004**).

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

### 3.2.2. Marqueurs moléculaires

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

#### 3.2.2.1. 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 animale.

Les caractéristiques principales des marqueurs génétiques (polymorphisme et liaison génétique) permettent d'identifier et de suivre les fragments chromosomiques et de détecter les principaux caractères d'intérêt économique QTL (Quantitative Trait Loci) et QTN (Quantitative Trait Nucleotide) 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.

### 3.2.2.2. Marqueurs de l'ADN mitochondrial

L'ADN mitochondrial (ADNmt) se transmet par voie maternelle et sans recombinaison, ce qui permet l'accumulation de mutations dans chaque lignée (**Harrison, 1989**). Sa vitesse d'évolution est considérée comme 5 à 10 fois plus rapide que celle de l'ADN nucléaire (**Brown et al., 1979 ; Vawter et Brown, 1986**). La quasi-totalité de la séquence de l'ADNmt est codant, les gènes sont contigus et ne contiennent pas d'introns.

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

### 3.2.2.3. Marqueurs RFLP

La méthode mettant en évidence les marqueurs RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) combine l'utilisation d'enzymes de restriction et de sondes génétiques (**Botstein et al., 1980**). Cette méthode, sous sa forme initiale ou méthode de Southern, est laborieuse et ne permet pas de traiter aisément un grand nombre d'individus. Cependant le couplage de cette approche avec la PCR a permis d'étudier le polymorphisme de restriction de nombreux gènes (**Klungland et al., 1995 ; Lagziel et al., 2000**). Ces marqueurs sont toujours

utilisés et **Baumung et collaborateurs (2004)** estiment que 17 % des études utilisent ces marqueurs pour la caractérisation de races domestiques.

#### 3.2.2.4. Marqueurs RAPD

Un autre type de marqueur moléculaire RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), récemment développé repose sur la mise en évidence de polymorphisme généré par l'amplification aléatoire de fragments d'ADN grâce à des amorces dont les séquences ont été définies arbitrairement (**Williams et al., 1990**). Cette méthode, couramment utilisée en cartographie génétique des végétaux et en génétique des populations, génère des marqueurs dominants (pas de différenciation des homozygotes et des hétérozygotes pour un site donné).

**Rao et ses collaborateurs (1996)** passent par l'approche des RAPD pour différencier génétiquement les espèces domestiques à l'échelle intra-spécifique. **Rincon et collaborateurs (2000)** utilisent les marqueurs RAPD pour étudier la variabilité génétique de races bovines créoles. Néanmoins, des problèmes de reproductibilité et de transmission de ce type de marqueur ont limité son application chez les animaux (**Karp et al., 1996**).

#### 3.2.2.5. Marqueurs AFLP

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

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

#### 3.2.2.6. Marqueurs minisatellites

Un autre type de marqueur moléculaire polymorphe, connu sous le nom de minisatellites hypervariables, a été découvert dans les années 80 (**Jeffreys et al., 1985**). Ces minisatellites sont constitués de répétitions en chaîne (en talem) d'un motif de 15 à 70 nucléotides. Ces

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

Ainsi, **Trommelen et al (1993)** proposent les minisatellites comme outil d'identification des paternités chez les bovins. Néanmoins, des difficultés concernant les quantités d'ADN requises, la visualisation et l'identification des allèles ont rapidement limité l'utilisation de ces marqueurs.

### 3.2.2.7. Marqueurs microsatellites

L'une des principales méthodes utilisées aujourd'hui est celle mettant en évidence le polymorphisme des locus microsatellites ou STR (Simple Tetem Repeats). Ces derniers sont des séquences d'ADN constituées de répétition en tetem d'un motif de 1 à 6 Pb (**Chambers et MacAvoy, 2000**) (Figure 01).

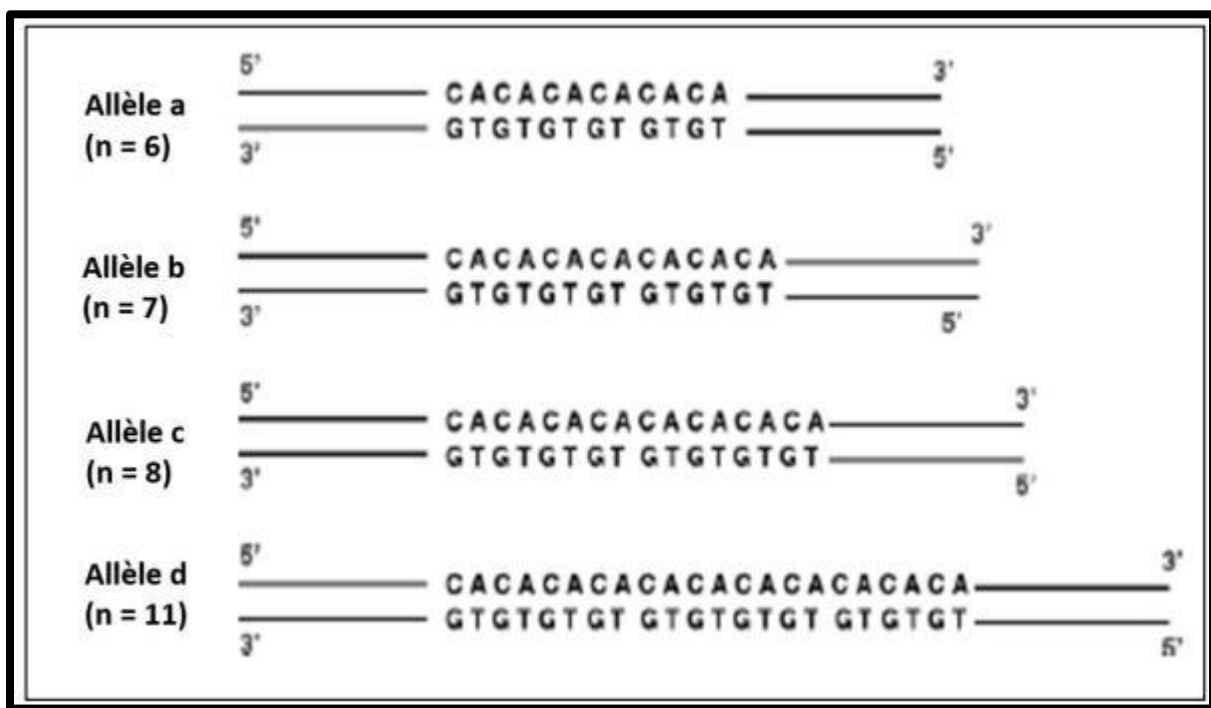
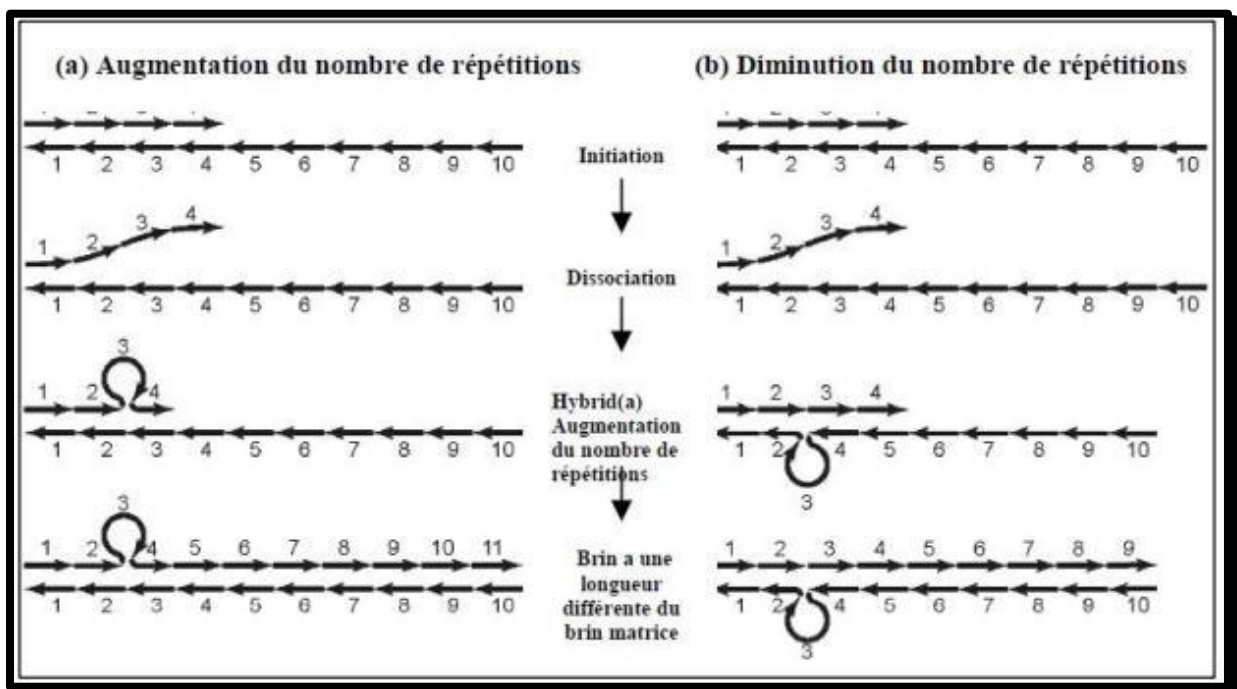


Figure 1. Séquence contenant une répétition GTn

(Bautista Salas, 2009)

Le deuxième mécanisme susceptible de générer des mutations est le glissement intra-chromatidien (slippage) a été décrit par **Levinson et Gutman** en **1987** (Figure 02). Ce modèle est composé de trois étapes :

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



**Figure 2. Modèle de "slippage réplication" permettant d'expliquer l'augmentation ou la diminution du nombre de répétitions dans un microsatellite**

(Bautista Salas, 2009).

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

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

En effet, les potentialités des microsatellites en tant que marqueurs pour mesurer la variabilité génétique des populations semblent considérables (**Bruford et Wayne, 1993**). Le nombre élevé et croissant d'études de variabilité génétique basées sur les microsatellites et concernant différentes espèces montre que, parmi les systèmes disponibles à l'heure actuelle, les microsatellites sont très efficaces pour la caractérisation et l'étude des relations phylogénétiques entre les populations. Ils sont utilisés du fait de leur stabilité biologique, leur taux de mutation assez élevé et leur dispersion dans le génome. Ces marqueurs sont largement utilisés dans les études de caractérisation d'animaux domestiques. Ainsi **Baumung et collaborateurs (2004)** estiment que 90 % de ces études utilisent ces marqueurs.

Actuellement, chez la plupart des espèces d'animaux domestiques, une liste de références de locus microsatellites a été publiée par la **FAO** en **2004**, afin de permettre la comparaison entre des analyses obtenues pour différentes espèces animales et par plusieurs équipes de recherche dans le monde. Par ailleurs, l'une des applications les plus développées, à l'heure actuelle, des microsatellites, chez les animaux d'élevage, est la détection des principaux gènes ou groupes de gènes impliqués dans le déterminisme des caractères d'intérêt économique QTL tels que la production de viande, la production de lait, la résistance aux maladies, la croissance... etc. En effet, l'identification de telles régions permettrait de mettre en place une sélection assistée par marqueurs moléculaires en vue d'augmenter l'efficacité de la sélection animale (**Montaldo et Meza-Herrera, 1998**).



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

#### **3.2.2.8. Marqueurs SNP**

Une nouvelle génération de marqueurs polymorphes est en cours de développement : les SNP (Single Nucleotide Polymorphism) ou Polymorphismes de nucléotides uniques qui correspondent à des changements d'une base au niveau de la séquence d'ADN. Ils constituent la plus grande source de polymorphisme génétique caractérisable. Ces variations sont identifiées lors des programmes de séquençage à grande échelle de génome ou de séquences exprimées EST « Expressed Sequence Tag » (Lee *et al.*, 2006).

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

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

#### **3.2.2.9. Technologie des puces à ADN (SNP array et CGH-array)**

Initialement, cette méthode a été mise au point au début des années 90 afin de mesurer le niveau de transcription de milliers de gènes simultanément (puce à expression). Cette technique fait appel au principe d'hybridation par complémentarité de deux brins d'ADN ou d'un brin d'ADN sonde avec un ADN complémentaire issu d'un ARN. L'usage de cette méthode s'est ensuite élargi à la détection des Single-Nucleotide Polymorphisms (SNP). La



puce à SNP est tapissée d'oligonucléotides simples brins, appelées sondes, de séquences connues : les différents allèles d'un SNP peuvent ainsi être représentés. L'ADN de l'individu à tester est d'abord fragmenté puis marqué par un fluorochrome avant d'être mis à incuber sur la puce.

Il existe deux limites principales à cette technique : l'une technique avec l'hybridation non spécifique et l'autre dans le champ de l'existence de variations non connues (i) dans un des gènes ciblés par la puce ou (ii) dans une région non étudiée. En cas de forte homologie entre des séquences d'ADN, une sonde risque de s'hybrider de façon non spécifique avec l'ensemble de ces fragments. Il peut donc y avoir un biais dans le signal détecté. Par ailleurs, la puce à ADN ne peut détecter les variations ponctuelles qu'au niveau des gènes prévus dans l'analyse (**Bumgarner, 2013**). Ainsi, si un individu présente un SNP supplémentaire non connu ou une variation causale dans une région non ciblée, le gène responsable de la pathologie ne sera pas identifié. Les puces à SNP sont une variante de la CGH (« Comparative Genomic Hybridization »). Cette dernière est une méthode qui fait appel à l'hybridation génomique pour détecter les anomalies chromosomiques déséquilibrées que sont les CNV. Des sondes de 60- 80 pb sont fixées sur une puce ou « CGH-array ». L'ADN du patient et un ADN contrôle sont marqués par deux fluorochromes de couleurs différentes. Ils sont ensuite déposés en quantité identique et simultanément sur la puce. Les fluorochromes sont excités par leur longueur d'onde respective et l'intensité de la fluorescence est mesurée. Pour chaque sonde, le ratio entre les 2 intensités donne le rapport entre le nombre de copies d'ADN témoin et le nombre de copies d'ADN du patient. Chaque valeur de ratio peut être représentée sur un idéogramme de chaque chromosome qui permet la visualisation des CNV.

Les techniques de séquençage de première génération permettent une analyse ciblée de régions génomiques ou de gènes connus. Ces méthodes deviennent insuffisantes pour une étude d'exome ou de génome complet. Il a fallu attendre les séquenceurs de deuxième génération pour repousser ces limites, pour permettre de séquencer l'ensemble de nos gènes, et augmenter la probabilité d'identifier la ou les variations causales pour un individu donné.

### **3.1. La bioinformatique et la génétique**

En plus de la biologie, qui fait généralement référence aux gènes, à l'ADN, à l'ARN ou aux protéines, la bioinformatique utilise également l'informatique et les statistiques pour examiner et analyser les informations biologiques. Par conséquent, on attend des

bioinformaticiens qu'ils soient capables d'utiliser au moins un langage de programmation. **Paulien** a initialement introduit le terme « bioinformatique » en **1970**, à l'époque, il désignait l'étude du traitement de l'information dans les systèmes biotiques (**Hogeweg, 2011**).

Cette science interdisciplinaire crée des méthodes pour stocker, récupérer et analyser des données biologiques. L'expression des gènes et les informations génétiques associées servent de matières premières au domaine de la bioinformatique. Ces données étaient auparavant étudiées principalement par des méthodes indirectes telles que le couplage analyse...etc., mais en raison de la technologie moderne de séquençage, de la puissance de traitement informatique et des outils bioinformatiques, il est maintenant examiné à un niveau complètement nouveau.

## Chapitre 2. Généralités et présentations des ovins

### 1. Taxonomie

Selon **Fournier (2006)**, le mouton est un mammifère herbivore et ruminant appartenant à l'ordre des artiodactyles : (mammifères à sabot). Comprenant dix familles réparties en trois sous-ordres. La famille des Bovidae est celle qui comprend le nombre d'animaux domestiques. Elle regroupe 9 sous-familles dont celle des Caprinae représentée par le mouton et la chèvre (Tableau 1).

**Tableau 1. Systématique du mouton domestique (Marmet, 1971)**

| <b>Taxon</b>  | <b>Membres</b>       |
|---------------|----------------------|
| Embranchement | <i>Vertébrés</i>     |
| Classe        | <i>Mammifères</i>    |
| Ordre         | <i>Artiodactyles</i> |
| Sous-ordre    | <i>Ruminants</i>     |
| Super Famille | <i>Tauriodés</i>     |
| Famille       | <i>Bovidés</i>       |
| Sous Famille  | <i>Ovins</i>         |
| Genre         | <i>Ovis</i>          |
| Espèce        | <i>Ovis Aries</i>    |

L'espèce *Ovis aries* comptent onze sous espèces ou encore types (**Marmet, 1971**):

*Ovis aries germinaca* (mouton germanique) ; *Ovis aries batavica* (mouton des pays bas) ; *Ovis aries hibernica* (mouton des dunes anglaises) ; *Ovis aries arvensis* (mouton du plateau central) ; *Ovis aries ingevonensis* (mouton du Danemark) ; *Ovis aries britannica* (mouton britannique) ; *Ovis aries ligenensis* (mouton du bassin de la Loire) ; *Ovis aries berica* (mouton des Pyrénées) ; *Ovis aries africana* (mouton mérinos) ; *Ovis aries asiatica* (mouton de Syrie ou à large queue) ; *Ovis aries soudanica* (mouton du Soudan) (**Laoun, 2007**).

### 2. Origine et évolution des ovins

L'origine du mouton domestique reste incertaine (**Grigalunuaire et al., 2002**). Un gret nombre d'espèces sauvages peuvent être l'ancêtre du mouton actuel (**Hiendleder et al., 2002**).

Il existe un gret nombre d'espèces sauvages possibles d'être l'ancêtre du mouton actuel (**Hiendleder et al., 2002**).

D'après des études basées sur l'ADN des animaux (nombre de chromosome) et la distribution géographique des ovins sauvages, il y'a six espèces sauvages du genre *Ovis* susceptibles d'être les ancêtres d'*Ovis aries* (**Lallemet, 2002 ; Maiika, 2006**).

L'urial était l'ancêtre commun principal, et le mouflon avait participé à la formation des races européennes, pendant que l'argali permettait la création des races asiatiques. En fait le nombre de chromosomes est le même chez le mouflon et chez les races domestiques, ainsi que chez le bighorn ; alors que l'urial, et l'argali ont un nombre de chromosomes différent. Actuellement le mouflon asiatique est considéré l'ancêtre commun à tous les moutons domestiques et au mouflon européen (**Annelise et al., 2008**).



**Figure 3. Le mouflon d'Asie *Ovis orientalis larstancia***  
(**Encarta, 2005**)

### **3. Domestication des ovins**

#### **3.1. Dates et lieux de la domestication du mouton**

Les moutons ont été aussi probablement domestiqués pour la première fois dans le Croissant fertile, il y a environ entre 8000 et 9000 ans. Les informations archéologiques semblent indiquer deux emplacements indépendants de domestication des moutons en Turquie – la vallée supérieure de l'Euphrate, dans la région orientale de la Turquie, et l'Anatolie centrale (**Peters et al., 1999**).

Trois espèces de mouton sauvage (l'urial (*Ovis vignei*) ; l'argali (*O. ammon*) ; et le mouflon eurasiatique (*O. musinom/orientalis*)) ont été considérées les ancêtres du mouton domestique (Ryder, 1984) ou du moins avoir introgressées quelques races locales. Cependant, une étude génétique récente n'a indiqué aucune contribution de la part de l'urial ou de l'argali (Hiendleder *et al.*, 1998). Ce résultat soutient l'hypothèse selon laquelle le mouflon asiatique (*O. orientalis*), présent dans une vaste région s'étendant de la Turquie jusqu'au moins la République islamique d'Iran, est la progéniture unique des moutons domestiques.

Le mouflon européen (*O. musinom*) est actuellement considéré un descendant du mouton sauvage. Quatre lignées maternelles principales d'ADN mitochondrial ont été enregistrées chez les moutons domestiques (Tapio *et al.*, 2006), dont une ou deux pourraient correspondre à des domestications distinctes et les autres à une introgression sauvage réussie.

### 3.2. Modifications apportées par la domestication

Les premières domestications n'ont pas concerné l'individu mais toute une sous population issue de la population naturelle. Une des principales conséquences de cette sélection est la réduction de la diversité génétique qui associée à des changements d'alimentation, provoquant d'importantes modifications qui sont surtout morphologiques (Callou, 2005).

#### 3.2.1. Modifications morphologiques

Il a été observé que la taille des moutons est en décroissance depuis leur domestication. Les causes de ce phénomène ont été référées premièrement au stress engendré par la captivité et aux contacts répétés avec l'homme, en deuxième lieu à l'effet direct de la volonté des éleveurs de sélectionner des animaux plus petits dans le but de mieux les maîtriser (Fouché, 2006).

#### 3.2.2. Modifications anatomiques et physiologiques

La première modification anatomique qui est apparue est l'absence des cornes chez les brebis. Pour les moutons dont les cornes sont conservées, leur forme à la base a changé du triangulaire pour les sauvages en ovalaire chez les domestiques. Encore, les oreilles tombantes ne se rencontrent pas chez les ovins sauvages.

Les mouflons portent une toison courte, pigmentée, tombant périodiquement à la faveur d'une mue. Les moutons domestiques ont une laine blanche apte à la teinture, les poils sont fins, et le phénomène de la mue a disparu.

Un caractère propre aux moutons domestiques est l'accumulation de graisse au niveau de la queue ou de la croupe. Aussi, la production qu'elle soit lainière, laitière ou bouchère est parfois exacerbée chez ce mouton, ce qui n'est pas chez l'espèce sauvage (**Fouché, 2006**).

### 3.2.3. Modifications psychologiques

L'animal domestique est caractérisé par un comportement double. En effet il se comporte en tant qu'adulte avec ses congénères et infantile de type mère-enfant avec l'homme (**Fouché, 2006**).

### 3.2.4. Modifications génétiques

Les analyses chromosomiques ont contribué de manière significative à la compréhension de la différence évolutive chez les races ovines, les mouflons européens et les moutons sauvages de l'ouest Paléarctique (*Ovis orientalis*) ont le même nombre diploïde de 54 chromosomes que le mouton domestique. Un nombre diploïde de 58 chromosomes a été enregistré chez les populations iraniennes du mouton Urial (**Valdez et al., 1978**). et  $2n = 54$  chez les espèces américaines (**Bunch et al., 2000**).

des locus de caractères quantitatifs (QTL) ont été identifiés pour de multiples traits à savoir la production laitière (**Diez-Tascon et al., 2001**), la résistance aux parasites (**Beh et al., 2002**), la qualité de la laine (**McLaren et al., 1997**) et la densité osseuse (**Campbell et al., 2003**) En outre, les analyses chromosomiques des caractères à un seul gène chez les ovins ont été identifiées et connues, comme celles de la couleur de la laine (**Sponenberg, 1997**), les traits de viande tels que callipyge (**Nielsen et al., 1994**) et la musculure des côtes (**Freking et al., 2002**) et les cornes (**Nicholl et al., 1998**). Des mutations héréditaires telles que le syndrome de l'araignade (**Montgomery et al., 1996 ; Cockett et al., 1999**), la maladie de stockage du glycogène (**Beever et al., 2006**) et la susceptibilité à la tremblante (**Tan et al., 1997**).

## 4. Génome des ovins

Le mouton domestique (*Ovis aries*) possède 54 chromosomes : 3 paires de grands métacentriques ; les 24 paires restant sont télocentriques.

Le chromosome X est le plus gros des chromosomes télocentriques et le chromosome Y est le plus petit des chromosomes métacentriques (Saïdi-Mehtar, 1983).

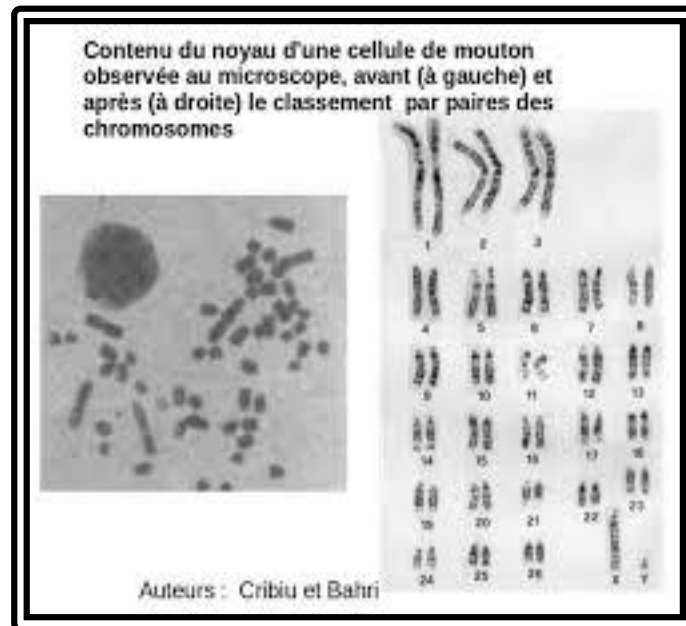


Figure 4. Caryotype d'un ovine

( [http://www.svtbelrose.info/local/cachevignettes/L640xH544/caryotype\\_brebis\\_complet-7a435.jpg?1477067497](http://www.svtbelrose.info/local/cachevignettes/L640xH544/caryotype_brebis_complet-7a435.jpg?1477067497) )

### **Chapitre 3. Ressources génétiques du mouton Africain, diversité et caractéristiques uniques**

#### **1. Différentes classes de races ovines en Afrique et leurs caractéristiques adaptatives**

Il y a environ 1,2 milliard de têtes de moutons dans le monde, dont un tiers (environ 407,7 millions de têtes) se trouvent en Afrique (**FAOSTAT, 2019**). On estime qu'en Afrique tropicale, il y a un mouton pour 10 ha de terres avec des estimations de 1 tête de mouton par personne employée dans l'agriculture (**Wilson, 1988**).

Des illustrations de moutons de l'Égypte ancienne suggèrent que les moutons présents pendant les périodes pré-dynastique et au début de la dynastie avaient une queue fine. Ces moutons sont représentés avec un profil de tête droit, de longues pattes fines, une longue queue fine qui atteignait les jarrets et étaient souvent noires, blanches ou pie. Cependant, ils ont ensuite été remplacés par des moutons à queue grasse. Les illustrations de moutons après la 12e dynastie dans l'Égypte ancienne montrent des moutons à queue grasse (**Ryder, 1983**). Ils considèrent que ces moutons ont facilement remplacés les races à queue fine en raison de leur laine grossière et de leurs queues grasses, qui étaient un organe de stockage précieux pour les pasteurs (**Ryder, 1983**).

Sur la base de la morphologie de la queue, deux grandes classes de moutons indigènes africaines ont été reconnues à partir de la littérature examinée (**Wilson, 1991 ; Muigai et Hanotte, 2013**). Ils comprennent la queue fine (avec des poils ou de la laine selon le type de pelage) et la queue grasse ou la croupe grasse, dont la majorité n'a pas été caractérisée. Les moutons à queue fine de grande taille se trouvent dans les tropiques secs du nord, tandis que les moutons petits ou nains se trouvent dans les zones humides de l'ouest à l'Afrique centrale. Les types à queue grasse prédominent en Afrique de l'Est jusqu'au Mozambique, tandis que les types à croupion gras sont les plus courants dans les systèmes traditionnels du nord-est de l'Afrique, mais se sont répandus dans les systèmes commerciaux au Zimbabwe et dans d'autres pays de la région sud.

Huit sous-types d'ovins tels que présentés dans le tableau 04 peuvent être distingués en Afrique sub-saharienne, comprenant une variété de races et un grand nombre de variétés ou de souches. Six des types, à savoir les cheveux à queue fine, les cheveux à queue grasse, les cheveux à croupe grasse, la fourrure à queue fine, la laine grossière à queue fine et la laine à queue grasse sont indigènes à l'Afrique.



Tableau 2. Les races ovines d'Afrique

| Gatenby (2006)   |  | Wislon (1991)   |   | DAGRIS<br><a href="http://dagris.ilri.cgiar.org/regions/64/breeds?order=title&amp;sort=asc&amp;page=2">http://dagris.ilri.cgiar.org/regions/64/breeds?order=title&amp;sort=asc&amp;page=2</a>               |      |
|--|--|---|---|---|------|
| Type de la race/Race   | Localisation   | Race  | Race  | Race  | Race |
| Type africain à longues pattes Fulani (À queue fine)<br>Désert soudanais (queue fine)<br><u>Angola à longues jamba</u><br>Baluba (Thin-tailed)<br>Dongola<br>Macina (queue fine)<br>Maure “<br><u>Tuareg</u> “<br>Zaghawa<br><br>Zaire Long-legged “ | Senegal to Cameroon<br>Nord du Soudan et ouest de l'Érythrée<br>Nord et Est de l'Angola<br>Katanga, Zaïre<br>Soudan du Nord<br>Delta central du Niger, Mali<br>Nord de l'Afrique de l'Ouest<br>Sahara<br>Dafour du Nord-Ouest, Soudan<br>Nord-est du Zaïre | Mouton à queue fine<br>Désert soudanais<br>Macina<br>Black Maure<br>Touabire<br>Peul-Peul<br>Toronké<br><u>Touareg</u><br>*Ara Ara<br>Mossi<br>Vogan<br>Uda<br>Balami<br>Yankasa<br>Djallonké (Thin-tailed) | Thin-tailed Hair sheep<br>Atlas Mountain<br>Fulani<br>Congo Dwarf<br>Soudan Desert<br>Ouled Djellel<br>Maure, Black Maure<br>Congo Long-legged Baluba<br>Rembi<br>Touabire<br>Uda<br>Balami<br>Yankasa<br>Djallonke (Thin-tailed) | Thin-tailed Hair sheep<br>Angola Maned<br>Terguia-Sidaou<br><u>Touareg</u><br>D'Man<br>South Soudanese/ Southern Soudan<br>Sicilo-Sarde<br><u>Angola Long-legged Zunu</u><br>Boujaad<br>*Ara-Ara<br>Fellata |      |
| 2<br>Dwarf type (queue fine)<br>Afrique de l'Ouest Dwarf<br>South Soudanese  | Sud de l'Afrique de l'Ouest<br>Soudan du Sud   | Djallonké (Dwarf)   | Djallonké (Dwarf)   |   |      |
| 3<br>Proche-Orient Type à queue grasse Barbary<br>Barki<br>Fellahi<br>Ossimi<br>Rahmani  | Afrique du Nord<br>Nord-ouest de l'Égypte<br>Delta du Nil, Égypte<br>Basse Égypte<br>Beheira, Basse-Égypte   |   |   |   |      |
| 4<br>Type à queue grasse d'Afrique de l'Est<br>Menz<br>Adali ou Afar<br>East African Blackheaded<br>Horro<br>Massai<br>Arabe somalien  | Centre de l'Éthiopie<br>Est de l'Éthiopie<br>Ouest de l'Ouganda et nord-ouest de la Tanzanie<br>Ouest de l'Éthiopie<br>Tanzanie, Kenya, Ouganda<br>Coast of Somalia  | Mouton à queue grasse<br>Afar<br>Masai rouge des hautes terres éthiopiennes<br>Tête noire<br>d'Afrique de l'Est<br>Rwanda et Burundi<br>Tswana<br>Swaz  | Mouton poilu à queue grasse<br>Red Maasai<br>Landim<br>Mondombes<br>Rwanda-Burundi-Tanzania Long-tailed<br>Swazi<br>Damara<br><u>Tswana</u><br>Africander<br>Zulu<br>Namaqua Afrikaner  | Mouton poilu à queue grasse<br>Transvaal<br>Afar<br>Madagascar<br>Bonga<br>Pedi<br>Tête noire d'Afrique de l'Est<br>Malawi<br>Norduz<br>Horro<br>Hottentot<br>Sabi  |      |
| 5<br>Type à croupion gras d'Afrique de l'Est<br>somali<br>Arrit (laine grossière à queue fine)   | Somalie, Est de l'Éthiopie, Nord du Kenya<br>Érythrée  | Mouton à croupion gras<br>Blackhead Persian & Dorper<br>(développé)   |   |   |      |
| 6<br>Type africain à longue queue grasse<br>Africander   | Afrique du Sud<br>"  |   | Rwanda-Burundi-Tanzanie Longue queue  | Madagascar<br>Sabi  |      |

|   |   |  |   |   |  |
|---|---|--|---|---|--|
|   | *Damara<br>Madagascar<br>Malawi<br>Nguni<br>Tanzanie à longue queue<br>Tswana<br>Sabi   | République malgache<br>Malawi<br>Afrique du Sud-Est<br>Tanzanie<br>Botswana, sud-ouest du<br>Zimbabwe<br>Zimbabwe  |   | Tswana<br>Africander  |  |
| 7 | Type côte nord<br>Arabe algérien (laine grossière à queue fine)<br><u>Beni Ahsen</u><br>Beni Guil<br>Berbère<br>D'man (Cheveux à queue fine)<br>Doukkala<br>Tadla<br>Tadmit<br>Thibar<br>scicilo sarde<br>Zemmour | Algérie<br>Nord Ouest du Maroc<br>Plateau de l'est du<br>Maroc et de l'ouest de<br>l'Algérie<br>Montagnes du Maroc<br>Ksar es Souk, Maroc<br>Sud-ouest marocain<br>Maroc<br>Algérie, Tunisie<br>Tunisie<br>Tunisie<br>Nord-ouest du Maroc                    |   | Laine grossière à queue fine<br>Sardes<br>Ati Barka<br>Dane Zaïla<br>Karayaka<br>ZemmourTimahdite<br>Timahdite<br>Aknoul<br><br>Mérinos turc<br>Arabe algérien<br>Beni-Ahsen<br>Aït Mohad   | Laine grossière à queue fine<br>Kircik<br>Hadine<br>Hamra<br>Dongola<br>PirlakZel<br>Berbère<br>Beni Guil<br>Hemsin<br>Gokceada (Imroz)<br>Macina<br>Doukkala<br>Taadmit                                   |
| 8 | Races tropicales développées<br>Dorper (gros croupion)<br>Point noir de Nungua<br>Persan à tête noire (croupion gras)<br>Lucarne<br>Van Roy<br>Vogán<br>Wiltiper  | Afrique du Sud (pour la viande)<br>Ghana (pour la viande)<br>Afrique du Sud (pour la viande)<br>Afrique du Sud (pour la viande et la laine)<br>État libre d'Orange,<br>Afrique du Sud (pour la viande)<br>Togo (pour la viande)<br>Zimbabwe (pour la viande) | Mouton exotique<br>Karakul (fourrure à queue grasse)<br>Mérinos | Développé/Composite<br>Van Roy<br>Sidi Tabet<br>Warle<br>Laine fine kazakhe<br>Walrich Mouton Mérinos<br>Vandor<br>Kanzi<br>Okouma<br>Queue Fine de L'Ouest<br>Ingessana<br>Mouton Lait Tunisien<br>MaenitWhite Woolled Mountain<br><br>Fourrure à queue grasse<br>Kangal<br>Akkaraman<br>Karakul (fourrure à queue grasse) | Développé/Composite<br>Permanente<br>Abidi<br>Meïdob<br>Thibar<br>Sanabawi<br>Afrino<br>Bezuidenhout Africander<br>Aboudeleik<br>Point noir de Nungua<br>Sud marocain<br>Sohagi<br>Dohne Mérinos<br>Dorper |

## 2. Situation actuelle de la diversité ovine en Afrique

### 2.1. Etudes morphométriques et caractérisation des populations

Les traits morphologiques sont des outils importants dans la caractérisation des populations de bétail. De plus, les caractères morphologiques sont utilisés par les éleveurs comme indicateur des performances de croissance et de reproduction de leurs animaux, malheureusement ce choix est très souvent lié à la suspicion. Par exemple, les mesures de tour de poitrine et de la hauteur au garrot sont une bonne indication de la croissance alors que la circonférence

scrotale est un bon indicateur de la fertilité du bélier et donc un indicateur possible de la performance reproductive de ses filles (**Portes et al., 2018**). Les traits morphométriques sont donc des outils importants dans la caractérisation des populations ovines et sont complémentaires aux marqueurs moléculaires génétiques utilisés dans les études de diversité génétique des populations. Les races ovines africaines ont été largement caractérisées à l'aide de caractères morphologiques tels que la largeur de la croupe (RW), la longueur de la croupe (RL), la longueur de la queue (TL), la hauteur au garrot (WH), tour de poitrine (HG), la circonférence de la panse (PG), la hauteur de la croupe (RH), longueur des oreilles (EL), longueur de la patte avant (FLL), longueur de la patte arrière (RLL), longueur du corps (BL), largeur des épaules (SW), circonférence du cou (NC), longueur de la tête (HeL), largeur de la tête (HW), la longueur des cornes (HL) et la longueur des jarrets (HoL), mais aussi la taille des mamelles et la qualité de la laine entre autres. Les caractères morphométriques mentionnés ci-dessus ont été utilisés pour caractériser les moutons nigériens Yankasa, les moutons Uda, les moutons nains d'Afrique de l'Ouest et les moutons Balami du Nigeria. Les résultats ont montré que la longueur de la queue était le trait le plus discriminant dans les quatre populations et la distance génétique la plus longue a été trouvée entre les moutons WAD et Uda tandis que les races les plus proches étaient Balami et Uda. Aussi **Belharfi et al. (2017)** pour étudier la biodiversité des moutons ressources génétiques, les paramètres baryométriques sont utilisés pour caractériser les races ovines de l'Ouest algérien. Les mensurations corporelles (13 paramètres) de 166 ovins de six races: Ouled Djellal, Hamra, Barbarine, Srandi, Daraa et Tazegzawt sont utilisées. La caractérisation baryométrique a révélé une nette diversité entre les races étudiées et entre les mâles et les femelles, avec des différences très hautement significatives ( $p < 0,001$ ) pour la plupart des mensurations utilisées. Les résultats de l'ACP (Analyse en Composantes Principales) ont permis d'établir 3 classes, dont une seule classe présente la majorité de la population d'où une grande dilution pour la population étudiée. Ce résultat est confirmé auparavant par l'approche génétique (**Gaouar et al., 2016**). Dans le but d'étudier la biodiversité du mouton Djallonké indigène camerounais dans la zone soudano-guinéenne du Cameroun. Un total de 280 moutons adultes (âgés de 24 mois) dont 77 mâles et 203 femelles provenant de 112 fermes dans 13 districts de 4 divisions ont été mesurés et analysés. L'analyse de la variance a montré une variabilité dans la population. Selon l'analyse en composantes principales, la longueur du corps, le tour de poitrine, la hauteur au garrot et le poids vif étaient des caractères potentiellement discriminants de la population ovine étudiée. L'analyse discriminante a révélé une population composée de trois types génétiques avec le type génétique I ayant les caractéristiques les plus

élevées. L'analyse phylogénétique a montré que les types II et III sont plus proches et que les types I et III sont génétiquement plus éloignés. Une forte variabilité intra-génétique a été observée au sein de la population étudiée. L'équation de régression linéaire ( $PV = 0,8092TP + 58,923$ ) avec un coefficient de détermination ( $R^2 = 0,66$ ) prédit mieux le poids vif (**Baenyi et al., 2018**). La caractérisation génétique et phénotypique du mouton Blackbelly d'Afrique centrale a été réalisée sur un total de 288 ovins adultes afin d'évaluer la diversité génétique de la population Blackbelly dans 3 pays d'Afrique centrale (Cameroun, Congo Brazzaville et Gabon). Au total, vingt-deux (22) mesures corporelles ont été recueillies à l'aide d'outils métriques. Ce dernier a été utilisé pour calculer douze (12) indices dans le but d'apprécier la relation fonctionnelle entre les mesures. Un dimorphisme phénotypique ( $P \leq 0,05$ ) a été observé entre les moutons Blackbelly de différents pays, les animaux les plus hauts et les plus lourds venant du Congo ( $HW = 62,217 \pm 5,288$  et  $BW = 27,44 \pm 6,08$  kg), le plus long du Gabon ( $TBL = 84,69 \pm 8,70$ ) et le plus grand ( $CW=15,01 \pm 2,531$  et  $RW=14,716 \pm 2,351$ ) du Cameroun. L'ACP révèle que six composantes principales expliquent 73,1 % de la variabilité observée dans les mesures corporelles de la population de moutons Blackbelly d'Afrique centrale. Les deux premières composantes qui ont des valeurs propres supérieures à 3 et expliquent 25,44 % (CP1) et 17,41 % (CP2) de la variabilité des mensurations, peuvent être considérées pour un programme d'amélioration et de sélection. Ainsi, la hauteur au dos et la circonférence thoracique semblent être les mesures les plus intéressantes à considérer pour la sélection et la conservation du mouton Blackbelly (**Meka et al., 2021**). Une étude morphométrique du mouton Djallonké en Guinée Bissau (Nain d'Afrique de l'Ouest) a montré une diversité phénotypique dans la population étudiée et trois formats génétiques à savoir grand, intermédiaire et petit (**Dayo et al., 2021**). **Deribe** et ses collaborateurs en **2021** ont mené une étude pour vérifier la diversité morphologique de trois races indigènes de moutons à queue grasse et trois à queue fine d'Éthiopie. Les traits phénotypiques tels que le poids vif et les mesures corporelles linéaires (longueur du corps, hauteur au garrot, tour de poitrine, profondeur de la poitrine, hauteur de la croupe, longueur de la croupe, longueur de l'oreille, longueur de la queue et largeur du bassin) ont été mesurés et utilisés pour l'analyse. L'analyse statistique a été effectuée à l'aide de différentes procédures de SAS 9.4. L'analyse de la variance a montré une variation significative entre les races. Des analyses multivariées ont clairement réparti les races ovines étudiées en populations distinctes. La distance de Mahalanobis a montré une différence significative ( $p < 0,01$ ) entre les races. **Mavule et al. (2016)** ont mesuré 14 mesures corporelles linéaires et noté 5 traits qualitatifs pour évaluer la variation morphologique et les relations entre huit populations de moutons zoulous au

KwaZulu-Natal. Des moutons ont été échantillonnés dans les communautés rurales d'Empangeni, d'Escourt, d'Eshowe, de Jozini, de Msinga, de Mtubatuba, de Nongoma et de Nquthu. La couleur du pelage brun foncé, qu'elle soit solide ou tachetée de blanc, était la plus fréquente chez les moutons étudiés. Il y avait des variations significatives dans les mesures corporelles parmi les populations de moutons de différentes régions. Les moutons de Nqutu ont mesuré les plus hauts dans la plupart des variables morphométriques tandis que les moutons d'Empangeni ont mesuré les plus bas. L'analyse discriminante a identifié la largeur de la croupe, la largeur de la tête, tour de poitrine, la profondeur du thorax et la longueur de la queue comme les variables les plus distinctes parmi les populations ovines. L'analyse hiérarchique des grappes a révélé deux grands groupes, l'un formé par les populations Empangeni, Mtubatuba et Nongoma, l'autre par les populations Jozini, Msinga et Eshowe. Estcourt et Nqutu ont pris leurs distances avec ces groupes en tant qu'entités individuelles. Environ 62% des moutons individuels ont pu être correctement identifiés avec les populations à partir desquelles ils ont été échantillonnés. Nqutu avait le pourcentage le plus élevé (88,9%) d'affectation correcte tandis que Mtubatuba avait le plus bas (46,7%). Des erreurs d'attribution élevées ont été attribuées à un certain flux de gènes entre les populations ovines.

À propos de la mamelle, **James et al. (2009)** ont étudié les caractéristiques de la mamelle de 143 trois moutons nains d'Afrique de l'Ouest (WAD) dans le sud-ouest du Nigeria ont été évalués et les facteurs les affectant ont été déterminés. Les traits évalués étaient la morphométrie du pis et des trayons, y compris la longueur du pis (UL), la largeur du pis (UW), la circonférence du pis (UC), la distance entre les trayons (DT), la longueur des trayons (TL), la largeur des trayons (TW) et la circonférence des trayons (TC). La forme du pis et des trayons et le placement des trayons ont également été évalués. Chez les ovins, l'âge, la gestation et l'état de lactation ont influencé significativement ( $p < 0,05$ ) respectivement TL et UC. Toutes les dimensions de la mamelle et des trayons ont augmenté avec l'âge et la parité, tandis que les dimensions les plus grandes et les plus petites de la mamelle et des trayons ont été observées pour les animaux allaitants et non allaitants (secs) respectivement. Les moyennes UL, UW, UC, DT, TL, TW et TC étaient de  $11,30 \pm 0,15$  cm,  $8,78 \pm 0,13$  cm,  $26,21 \pm 0,36$  cm,  $9,02 \pm 0,12$  cm,  $2,10 \pm 0,02$  cm,  $1,19 \pm 0,02$  cm et  $3,06 \pm 0,03$  cm respectivement. Les formes de pis trouvées chez les moutons WAD étaient en bol et cylindriques. Des tétines en forme de bouteille, cylindriques et en forme d'entonnoir avec des placements de tétines verticaux et obliques ont été enregistrées. Le pis en forme de cuvette était le plus prédominant avec respectivement 57,20 % et 83,92 % d'occurrences. Les tétines de forme cylindrique étaient les plus répandues avec une occurrence de 83,91 %. Le

placement oblique (incliné) des trayons était l'occurrence la plus fréquente de 95,10 %. Des corrélations phénotypiques significatives positives élevées ( $p < 0,05$ ) ont également été trouvées entre UL et UW ( $r = 0,74$ ), UL et UC ( $r = 0,65$ ), UL et DT ( $r = 0,53$ ), UW et UC ( $r = 0,72$ ), UW et DT ( $r = 0,65$ ), UC et DT ( $r = 0,54$ ).

Concernant la qualité de la laine ont mené une étude sur les races ovines de l'ouest algérien basée sur l'analyse de la finesse de la laine en mesurant le diamètre des fibres de laine. Les données ont été recueillies à partir de 60 échantillons des races suivantes : Ouled Djellal, Hamra, Barbarine, Srandi, Daraa et Rembi. Le diamètre moyen des fibres de laine est de  $48,18 \pm 39,49 \mu\text{m}$  ce qui est significativement différent ( $p < 0,001$ ) dans les races étudiées. Le diamètre moyen des fibres de laine était de  $48,18 \pm 39,49 \mu\text{m}$  ce qui est significativement différent ( $p < 0,001$ ) dans les races étudiées, il varie de la laine moyenne d'un diamètre de  $28,89 \pm 6,009 \mu\text{m}$  chez la race Ouled Djellal à la laine grossière d'un diamètre de  $74,17 \pm 49,44$  en race Hamra. Aucun effet significatif ( $p > 0,05$ ) du sexe sur la finesse de la laine dans les différentes races n'a été observé (**Belharfi et al., 2018**).

Actuellement, une nouvelle approche de caractérisation morphométrique commence à émerger dans le domaine de l'identification et de la collecte d'informations phénotypiques chez les mammifères domestiques, c'est la géomorphométrie. En effet, **Alhajeri et al. (2021)** viennent dans leur ouvrage intitulé "Camel breed morphometrics: current methods and persons" décrire une nouvelle méthodologie dans la collecte d'informations phénotypiques via la géomorphométrie et le numérique. Cette approche donnera un aspect plus précis dans l'analyse des données compilées phénotype-phénotype et phénotype-génotype.

## 2.2. Paramètres biochimiques de santé et sanguins

L'étude du polymorphisme protéique permet la caractérisation des races animale dans certaines mesures. La technique couramment utilisée pour mettre en évidence ce polymorphisme est l'électrophorèse. Il permet de séparer les protéines selon leur charge et leur poids moléculaire. En raison de la dégénérescence du code génétique, seules environ trois mutations sur quatre provoquent le remplacement d'un acide aminé par un autre dans la protéine. De plus, seulement un tiers de ces substitutions, en moyenne, modifient la charge nette de la protéine et sont donc détectables par électrophorèse. Cette technique ne permet donc de détecter, au niveau de la protéine, qu'environ un quart des mutations présentes dans la partie codante du gène correspondant (**Grosclaude, 1988**). Les caractères immunologiques et

biochimiques ont un mode de transmission héréditaire assez simple et conforme aux lois de la génétique mendélienne.

Les systèmes les plus connus sont les groupes sanguins et les protéines sanguines. Ces systèmes sont génétiquement indépendants les uns des autres ; Leur analyse permet de mieux caractériser le patrimoine héréditaire des races par rapport aux études basées sur les caractères morphologiques.

Chez les ovins et les bovins, on connaît respectivement 8 et 13 systèmes sanguins, répartis sur plusieurs locus polymorphes (**Delacretaz-Wolff, 1997**). **Delacretaz-Wolff (1997)** a étudié cinq races ovines suisses (Blanc des Alpes, Brun-noire du pays, Oxford, Nez noir du Valais et ovins des Hauts-Grisons) pour leur caractérisation. Les fréquences alléliques des facteurs sanguins et des protéines sériques ont été calculées. Les différences de fréquences obtenues pour les spécificités sanguines ont été testées et se sont révélées statistiquement significatives, permettant ainsi la caractérisation de ces races par groupes sanguins.

Chez le mouton, 80 protéines, enzymes sériques, érythrocytaires et tissulaires ont été dénombrées, dont 14 sont polymorphes chez le mouton (**Mc Dermid et al., 1975**). Les protéines sériques étudiées chez le mouton sont nombreuses, dont la transferrine, l'albumine, l'hémoglobine, l'amylase I et l'anhydrase carbonique II. La transferrine est la protéine sérique la plus polymorphe chez le mouton, il existe 12 variants clairement reconnus (**Delacretaz-Wolff, 1997**). Des variants de la transferrine (H et K) ont été découverts par **Stratil (1973)**, lors d'une étude sur 6 races de moutons en Tchécoslovaquie (**Delacretaz-Wolff, 1997**). De plus, deux albums ont 6 allèles différents et l'hémoglobine a 2 allèles majeurs A et B. En revanche, l'anhydrase carbonique II n'a que 3 allèles différents (**Delacretaz-Wolff, 1997**).

Chez les bovins, la synthèse de 1000 publications concernant le polymorphisme protéique, réalisée par **Baker et Manwell (1980)**, a permis d'établir l'arbre phylogénétique de 196 races. Pour cette étude, dix loci polymorphes ont été considérés dont les cinq protéines sanguines précédemment citées et les cinq protéines laitières.

En raison des enjeux économiques de la filière laitière et fromagère, les protéines laitières ont fait l'objet de nombreuses études chez les bovins et les caprins à leur profit. Très peu d'études ont été réalisées chez le mouton.

Les  $\alpha$ S1,  $\alpha$ S2,  $\beta$  et  $\kappa$ , la  $\alpha$ -lactalbumine et la  $\beta$  lactoglobuline sont les six principales protéines du lait de vache. La fréquence des variants génétiques des lactoprotéines est très



différente d'une population à l'autre, ce qui permet de caractériser ces populations et éventuellement d'établir leurs relations phylogénétiques.

De plus, s'agissant de protéines d'intérêt économique, les relations possibles entre ce polymorphisme et la production laitière ont été étudiées. Ainsi, l'effet significatif des allèles A et B de la caséine  $\kappa$  sur les aptitudes fromagères des laits a été démontré. En effet, c'est le variant B de la caséine  $\kappa$  qui confère au lait de meilleures qualités fromagères (**Grosclaude, 1988**).

**Osamede et ses collaborateurs en 2018** ont utilisé dans leur étude 100 moutons indigènes comprenant 25 races Balami, 25 Uda, 25 Yankassa et 25 races Naines d'Afrique de l'Ouest élevées de manière extensive. Les échantillons de sang ont été prélevés sur Vena Jugularis, traités selon la procédure standard et la transferrine et l'hémoglobine examinée par électrophorèse sur acétate de cellulose. Les fréquences alléliques et les génotypes (%) observés ont été testés avec l'équilibre de Hardy-Weinberg ( $\chi^2$ ). Sept allèles TfA, TfB, TfC, TfD, TfE, TfG et TfP contrôlant 23 génotypes ont été observés au locus de la transferrine tandis que deux allèles d'hémoglobine (HbA et HbB) contrôlant trois phénotypes - HbAA, HbAB et HbBB ont été détectés. À l'exception du mouton nain d'Afrique de l'Ouest, tous les échantillons ont indiqué un équilibre génétique révélé par une différence significative entre les génotypes observés et attendus aux deux locus. La différence significative observée entre les fréquences des allèles et des génotypes aux deux loci étudiés chez le mouton nain d'Afrique de l'Ouest peut être utilisée comme source de diversité génétique lors de la sélection pour l'amélioration. L'analyse phylogénétique telle qu'elle est vue par la topologie des arbres suggère que le Balami et l'Uda peuvent avoir eu la même voie de migration ou peuvent avoir été la même race qui ne s'est que récemment ramifiée par adaptation. En outre, le mouton nain d'Afrique de l'Ouest a peut-être été le premier à bifurquer sur la voie de la migration et a donc eu une route ou une origine de migration plus clairement définie.

Dans l'étude de **Mwacharo et al. (2002)** rapportent la variation de cinq protéines sanguines de cinq populations de moutons trouvées au Kenya. Des échantillons de sang ont été prélevés sur un total de 309 moutons adultes des deux sexes dans les districts de Kwale, Makueni et Kakamega pour le mouton à queue grasse et dans le district d'Isiolo pour le mouton à poils gras. Des moutons mérinos à laine fine ont été utilisés dans cette étude comme population de référence. La transferrine, l'estérase-A et l'estérase-C étaient polymorphes dans toutes les populations étudiées, tandis que l'albumine était monomorphe pour l'allèle S chez le



mouton à queue grasse et l'hémoglobine était fixée pour l'allèle B dans les populations Kwale, Makueni et Isiolo. Les phylogénies dérivées des estimations de distance génétique par paires ont montré une nette séparation entre les populations de moutons indigènes et les mérinos exotiques. Cependant, la topologie des premiers a montré une assez mauvaise cohérence avec leur classification morphologique basée sur la localisation de leurs dépôts graisseux, à savoir les moutons à poils à queue grasse ou à croupe grasse.

Selon **Sargent (2012)**, la quantité de variation des allozymes au sein de 19 races de moutons d'Afrique australe et l'étendue de la différenciation génétique entre elles ont été déterminées par six locus de codage enzymatique identifiés. Huit autres locus de codage enzymatique ont été analysés pour cinq races. Entre 55 et 66,67 % des loci codant pour les protéines étaient polymorphes (critère de 95 %) dans toutes les races, sauf pour les brebis Namaqua qui étaient moins polymorphes (33,33 %). Des valeurs de 1,67 à 2,5 ont été obtenues pour le nombre moyen d'allèles par locus et les hétérozygoties moyennes par locus étaient comprises entre 16,6 et 35,9 %. La constitution allélique en particulier au locus de la transferrine (TF) variait sensiblement pour les différentes races. Par exemple, l'allèle TF\*H a été noté exclusivement chez le mouton Dormer et l'allèle TF\*G a été trouvé chez les races Afino, Van Rooy, Border Leicester, Blackhead Persian et Skilder-Persian. Les seules races polymorphes au locus de l'albumine étaient les races sud-africaines Mutton Merino et Van Rooy. La constitution allélique aux autres locus polymorphes était similaire pour les races, mais les fréquences alléliques du mérinos sud-africain diffèrent des races mérinos d'autres pays au locus TF. Les valeurs de distance génétique impartiale étaient les plus petites entre les races Dorper et Dormer et les plus grandes entre les races Romenof et Blackhead Persian, et la distance génétique moyenne entre les 19 races était de 0,067. La quantité moyenne de différenciation entre les races par rapport à la quantité limite sous fixation complète ( $F_{ST}$ ) a été calculée à 0,123, ce qui indique une faible différenciation génétique entre les races étudiées. Cependant, cette statistique ne se reflète pas dans la distribution des allèles qui n'était pas identique pour 25 paires de races (15%) du total (171) dans tous les systèmes sanguins génétiques étudiés. Aucune des paires de races n'a montré des distributions d'allèles identiques à tous les loci étudiés pour au moins un locus différent à chaque paire de races comparées.

### 2.3. Diversité génétique et structure de la population

Un nouvel espoir est né pour la génétique des populations avec l'apparition des techniques d'électrophorèse sur gel, qui permet la mise en évidence du polymorphisme des protéines, notamment l'électrophorèse en gel d'amidon, introduite en **1955** par **Smithies**, qui a commencé se propager au début des années soixante. Elles ont donné lieu à une profusion d'études, notamment sur les protéines sanguines. C'est ainsi que des travaux sur les enzymes érythrocytaires d'une dizaine d'espèces animale (d'élevage, à fourrure, de laboratoire) ont permis, dès 1975, d'analyser le polymorphisme de 40 systèmes enzymatiques, contrôlés par 50 loci (**Mc Dermid et al., 1975**). Mais ces chiffres ne doivent pas être induits en erreur : ces loci ne sont pas polymorphes chez toutes les espèces, et l'analyse du polymorphisme existant nécessite la mise en œuvre de techniques denses, coûteuses et parfois délicates. Au final, ces résultats ont permis d'allonger la liste des systèmes de marqueurs, mais cette liste était encore trop restreinte (30 à 40 systèmes par espèce y compris ceux des groupes sanguins) pour permettre un réel développement de la cartographie des espèces reproductrices. Il s'agit finalement du développement des techniques de détection du polymorphisme de l'ADN, celle des fragments de restriction ou " RFLP " d'abord (**Botstein et al., 1980**), puis celle des minisatellites (**Jeffreys, 1985**) et surtout celle des microsatellites (**Weber et May, 1989**).

Malheureusement, les pays africains n'ont pas profité très tôt de l'avènement des outils moléculaires dans le domaine de la caractérisation des races domestiques, en raison du manque important d'infrastructures et de budget alloué à la recherche scientifique, notamment dans le domaine de la génétique. Mais avec la prise de conscience mondiale du phénomène de réchauffement climatique et des risques de crachats alimentaires, les pays du Nord se sont tournés vers les pays africains pour l'analyse des génomes africains à la recherche de gènes de résilience afin d'améliorer leurs races.

Cet intérêt des pays du Nord pour les ressources génétiques africaines a créé une coopération bilatérale et multinationale qui a permis le lancement d'études plus importantes sur la caractérisation génétique de ces ressources.

Cependant, il faut noter que la plupart des études de caractérisation génétique sur les ovins ont été réalisées par des microsatellites dont l'un des premiers est celui réalisé par **Gaouar et al. (2005)** où deux races algériennes ont été analysées par 12 microsatellites.

Cependant, les études moléculaires réalisées sur les races ovines africaines ont été réalisées en utilisant également ; RFLP, ADNmt, séquençage (et NGS) et puces à ADN.

#### ❖ RFLP

Concernant les RFLP, **Saleh et al. (2020)**, étudient trois mutations différentes ; Fec-B, FecXG, Fec-GH sur trois gènes candidats ; Récepteur de protéine morphogénétique osseuse IB, protéine morphogénétique osseuse 15 et facteur de différenciation de croissance 9, respectivement, chez six races de moutons élevées en Égypte, à savoir ; Rahmani, Barki, Rahmani X Barki croisé, Awassi, Awassi X Suffolk croisé et Ossimi et leur association avec la taille de la portée. L'ADN génomique de 132 moutons a été étudié pour les mutations Fec-B, FecXG et Fec-GH par polymorphisme de longueur de fragment de restriction, polymorphisme de conformation simple brin et séquençage de l'ADN. Les résultats ont révélé que toutes les races ne portaient pas la mutation Fec-B. De l'autre côté, les mutations de FecXG et Fec-GH ont été détectées chez Rahmani et le croisement Rahmani X Barki qui est associé au taux élevé de gémellité / taille de la portée de Rahmani (1,28) et du croisement Rahmani X Barki (1,22). Alors que la taille moyenne des portées pour les autres races avait une valeur moyenne presque constante sur six parités, comprise entre 1,00 et 1,04. **Abubakar et al. (2020)** ont évalués la diversité génétique de quatre populations ovines nigérianes, à savoir; Balami, Yankasa, Ouda et Nain d'Afrique de l'Ouest (WAD). Les ADN extraits ont été utilisés pour étudier le polymorphisme au locus du gène de la  $\beta$ -lactoglobuline en utilisant la technique PCRRLFP. Les résultats ont révélé que le pourcentage de locus polymorphe était de 100 % tandis que l'indice d'information de Shannon, l'homozygotie observée, l'hétérozygotie attendue, l'hétérozygotie attendue impartiale et l'indice de fixation étaient respectivement de 0,656, 0,516, 0,464, 0,477 et -0,075. Le flux de gènes ( $N_m$ ) pour l'ensemble de la population a été estimé à 7,65. Le  $F_{st}$  par paires était faible et compris entre 0,0004 (entre Balami et WAD) et 0,0520 (entre Balami et Yankasa). La variation au sein et entre les populations de moutons montre qu'une grande proportion de la variance observée (98 % à  $p < 0,01$ ) s'est produite au sein des races, tandis que seulement 2 % de la variance ( $p < 0,01$ ) a été due aux différences entre les races. La distance génétique la plus proche était entre le Balami et le WAD (0,001) et entre l'Ouda et le WAD (0,001). L'analyse phylogénétique de trois groupes a révélé et cette étude a montré que des efforts doivent être faits pour prévenir l'usure de la constitution génétique de la population ovine compte tenu de l'indice de fixation négatif.

#### ❖ Microsatellites

D'après nos recherches bibliographiques, les investigations de caractérisation génétique sur les races domestiques africaines sont plus susceptibles d'être menées par des microsatellites.

Selon **Gaouar** et ses collaborateurs en **2011** ont également réalisé une étude sur la variabilité génétique et les relations phylogénétiques sur un groupe de six races ovines algériennes : Hamra, Ouled-Djellal, Sidaoun, Taadmit, D'men et Rumbi. Ces études ont été réalisées à l'aide de 4 microsatellites. Selon **Gaouar et al. (2014)** la diversité génétique de a été estimée dans sept races ovines, dont deux races locales algériennes (Hamra et Ouled-Djellal) et deux marocaines (Béni-Ighil et D'men) ainsi que deux françaises (Corse et Lacaune) et une race subsaharienne (Foro-Foro), utilisant six marqueurs microsatellites. D'après **Gaouar et al. (2015a)**, les auteurs ont étudié la diversité génétique au sein et entre six des neuf races algériennes, en utilisant 30 marqueurs microsatellites. Les résultats ont montré que, malgré la contraction du recensement subie par la plupart des races considérées, la diversité génétique est toujours importante et la consanguinité n'a pas été identifiée comme un problème. Cependant, deux races (Rembi et Taâdmit) semblaient avoir perdu l'essentiel de leur originalité génétique à cause d'un croisement intensif avec les Ouled-Djellal. Sur la base des preuves ci-dessus, les auteurs suggèrent Hamra, Sidaoun et D'man comme races préservant la plus haute priorité pour la conservation en Algérie. Pour analyser la diversité génétique entre deux races transfrontalières, **Gaouar et al. (2015b)** ont étudié les Béni-Ighil (race ovine marocaine, n=50) et Hamra (race ovine algérienne, n=35) à l'aide de 6 microsatellites. Le  $F_{IS}$  de consanguinité estimé au sein de la population était significatif dans les races étudiées. La distance génétique de Reynolds (DR) et le nombre de valeurs Nm de migrants étaient respectivement de 0,044 et 5,21, indiquant un flux de gènes relativement élevé entre les races. Dans une autre étude sur les races marocaines, **Gaouar et al. (2016a)** ont utilisé 22 marqueurs microsatellites pour évaluer la diversité génétique entre et au sein de cinq races ovines marocaines : Sardi, Boujaad, Timahdite, Beni Guil et D'man\_Morroco. Dans l'ensemble de l'échantillon, un total de 299 allèles a été détecté. Les cinq races ont montré un niveau relativement élevé de diversité génétique. **Ameur Ameur et al. (2017)** ont mené une étude sur 296 animaux de 12 races ovines locales différentes (Barbarine, Ouled Djellal, Ifilene, Srandi, Darâa, Rembi, Berbere, Taâdmit, Hamra, Sidaou, Tazegzawt et D'man) élevés en différentes régions d'Algérie. Quinze marqueurs microsatellites ont été utilisés pour déterminer la diversité génétique entre les races. La population de 12 races ovines étudiées en Algérie présentait un nombre élevé d'allèles et un contenu informatif polymorphe. **Ameur Ameur et al. (2020)** ont également lancé une étude pour enquêter sur la diversité génétique

des races ovines indigènes élevées en Turquie et en Algérie. Quatre races algériennes (Hamra, Ouled Djellal, Sidaou et Tazegzawt) et quatre turques (White Karaman, South Karaman, Karacabey Merino et Kırçık) ont été génotypées avec quatorze marqueurs microsatellites recommandés par la FAO. Au total, 340 allèles ont été détectés à partir de quatorze marqueurs étudiés. Toutes les huit races présentent des niveaux de diversité génétique modérés à élevés, avec une légère supériorité des races ovines algériennes. La valeur globale du  $F_{IS}$  était faible. Cela peut être dû à la forte consanguinité au sein de la population. Le coefficient global moyen de différenciation des gènes (GST) a montré qu'environ 94,0% de la variation génétique était intra-population. Le plus grand nombre d'allèles prés avec une fréquence supérieure à 5% a été observé chez les ovins Ouled Djellal. L'analyse de la structure des populations étudiées a révélé le K le plus approprié avec quatre groupes génétiques. En conséquence, le dendrogramme a montré que les races ovines algériennes étaient complètement séparées des races ovines turques, de plus le regroupement bayésien a révélé un niveau élevé de mélange, en particulier dans la population ovine algérienne.

**Wafula et al. (2005)** ont analysé la diversité génétique de 11 populations de moutons Djallonké de Guinée, du Mali, du Sénégal et de Gambie et trois populations de référence du Mali, du Nigeria et du Portugal ont été estimées à l'aide de 15 microsatellites. Les moutons Djallonké au Mali, en Gambie et dans l'est de la Guinée ont une diversité génétique plus élevée que ceux du Sénégal et du sud et de l'ouest de la Guinée. Des relations génétiques étroites ont été observées entre les moutons Djallonké du Sénégal et de Gambie.

**Muigai et al. (2009)** rapportent que ces dernières années, les populations ovines indigènes du Kenya ont été croisées sans distinction avec des races exotiques, en particulier le Dorper. Une étude a été entreprise pour déterminer le niveau de diversité génétique et de parenté entre les différentes populations et races ovines du Kenya. Neuf populations ovines ont été échantillonnées dans l'ouest de la vallée du Rift (Migori, Homa Bay/Kendu Bay, Transmara et Kakamega) et l'est de la vallée du Rift (Kajiado, Naasha/Olmagogo, Laikipia East et Laikipia West). L'ADN a été amplifié à l'aide de 15 marqueurs microsatellites d'ADN.

#### ❖ ADNmt

Dans les études de génétique animale, l'analyse de l'ADN mitochondrial (ADNmt) offre un moyen de détecter les changements dans les populations au fil du temps, ainsi que leur origine maternelle et leurs voies de migration. Les travaux sur l'ADN mitochondrial en Afrique (sur

les races domestiques africaines) sont relativement moins fréquents par rapport à ceux menés par les microsatellites.

**Ghernouti et al. (2017)** avaient pour objectif de déterminer l'origine phylogénétique des trois races endémiques de ce pays, par ex. Ouled Djellal, Rembi et Berbère, utilisant les séquences de toute la Région Contrôle de l'ADN mitochondrial. Les 23 séquences de ces animaux ont été incluses dans un ensemble de données contenant 320 séquences de 28 races (haplogroupes A, B, C, D et E) pour évaluer leur position phylogénétique. Il apparaît que 87% des individus algériens appartiennent à l'haplogroupe B, le reste à l'haplogroupe C, uniquement recensé chez les Ouled Djellal. Ces données ont été utilisées pour estimer les dates de divergence des races endémiques algériennes, indiquant qu'elles sont apparues à travers trois événements migratoires indépendants et non à travers des différenciations locales suite à un seul événement migratoire. La race Ouled Djellal serait la dernière venue du Moyen-Orient, fait corroborer par le pourcentage important d'haplotype C dans l'échantillonnage.

**Kendoussi et al. (2020)** ont étudié la relation génétique entre les races ovines marocaines et méditerranéennes en utilisant le séquençage de 628 bp de la région de contrôle de l'ADN mitochondrial chez 193 individus marocains, appartenant à six races, et 652 séquences d'autres races en Europe et au Moyen-Orient. Est. Grâce à l'analyse du réseau et à une méthode originale dérivée de la phylogénétique, les proportions de connexion de chaque race marocaine aux races étrangères ont été estimées, mettant en évidence les liens étroits entre les races marocaines et ibériques. Les premiers fondateurs de la population ovine marocaine étaient issus à 79% de la péninsule ibérique et à 21% d'un territoire entre le Moyen-Orient et l'Afrique. Leurs temps d'expansion calculés étaient respectivement de 7 100 et 8 600 ans B.P. Ceci suggère que la Néolithisation a été introduite par une double influence, d'Ibérie et d'une autre voie, peut-être Orientale ou Subsaharienne. La conséquence des changements environnementaux rencontrés par les fondateurs d'Iberia a été testée à l'aide de différents tests de neutralité. Il existe des signatures de sélection importantes au niveau des races marocaines et européennes installées à des altitudes élevées, et une érosion de la diversité nucléotidique des races marocaines vante dans les zones arides.

Pour améliorer l'élevage ovin et la conservation des ressources génétiques, la région de contrôle de l'ADN mitochondrial (ADNmt CR) de 399 séquences de races ovines indigènes africaines issues d'articles de recherche publiés précédemment a été méta-analysée pour élucider leur relation phylogénétique, leur diversité et leur histoire démographique. Un total

de 272 haplotypes ont été trouvés, dont 207 étaient uniques et un niveau élevé de variabilité de l'ADNmt CR a été observé. Généralement, le nombre de sites polymorphes, la diversité des nucléotides et des haplotypes étaient élevés (284,  $0,254 \pm 0,012$  et  $0,993 \pm 0,002$ , respectivement). Le réseau d'haplotypes de jonction médiane (MJ) a produit trois haplogroupes majeurs (A et C), l'haplogroupe B étant dominant. Un mélange de populations suggère une origine matrilineaire commune et une absence et/ou une faible structure phylogéographique. L'analyse des inadéquations a montré l'expansion récente des races nord-africaines, tandis que les populations d'Afrique de l'Est et continentales présentaient des pressions de sélection pour l'adaptation. Une légère différence génétique historique a également été observée entre les races de moutons à queue grasse et à queue fine (**Wanjala et al., 2021**).

#### ❖ Séquençage et analyse du génome entier

**Djaout et al. (2018)** ont réalisé une étude qui avait pour but d'identifier la variabilité génétique du PRNP ovin chez le mouton algérien. Des moutons algériens de huit races (Ouled Djellal, Rembi, Hamra, Berbère, Barbarine, Sidaou, Taadmit et Tazegzawt) sans manifestation clinique de tremblante ont été analysés. Le séquençage de la séquence codante entière de PRNP a montré quatre allèles principaux (ARQ, ARR, AHQ et ARH) basés sur les codons 136, 154 et 171 avec des fréquences différentes parmi les races étudiées. De plus, 14 polymorphismes non synonymes supplémentaires (Q101R, N103K, M112T, A116P, M137I, L141F, I142M, H143R, N146S, R151G, Y172D, N176K, H180Y et S240P) ainsi que deux polymorphismes synonymes aux codons 231 et 237 ont été trouvés dans le Gène PRNP. Fait intéressant, les polymorphismes N103K, M137I et I142M n'ont pas été décrits chez le mouton. Les haplotypes ARQ, ARR et ARH étaient présents dans toutes les races avec une fréquence d'ARQ la plus élevée chez Barbarine. L'ARH était absente chez la race barbare et l'haplotype VRQ était absent chez toutes les races algériennes étudiées. Les allèles ARQ et ARR étaient les plus courants dans différentes races. Ces résultats représentent la première étude sur la variabilité PRNP chez les moutons algériens et peuvent servir de base au développement de programmes de sélection pour rendre les races ovines nationales résistantes à la tremblante.

Le mouton Djallonké est bien adapté aux conditions environnementales difficiles, et est relativement résistant à l'hémochose et résilient à la trypanosomiase animale. Les grands moutons sahéliens, qui cohabitent dans la même région, sont moins bien adaptés à ces défis



sanitaires. L'hémonchose et la trypanosomiase coûtent collectivement à l'industrie animale mondiale des milliards de dollars en pertes de production chaque année, **Yaro et al. (2019)** ont séquencé séparément puis regroupé selon la race les génomes de cinq individus non apparentés de chacune des races de moutons Djallonke et sahéliennes (provenant du Ghana), avec une couverture combinée supérieure à 22 fois pour chaque race. Un total d'environ 404 millions (97%) et 343 millions (97%) de lectures de séquences des races Djallonké et sahélienne respectivement, ont été cartographiés avec succès sur le génome de référence ovin Oar v3.1. Les auteurs ont identifié environ 11,1 millions et 10,9 millions de polymorphismes mononucléotidiques (SNP) dans les races Djallonké et Sahélienne, dont environ 15 et 16 % respectivement n'avaient pas été signalés auparavant chez les ovins. Plusieurs régions d'hétérozygotie ont également été trouvées; 70 co-localisés dans des régions génomiques hébergeant des gènes qui interviennent dans la résistance aux maladies, la réponse immunitaire et l'adaptation chez les ovins ou les bovins. Trente-trois des régions d'hétérozygotie réduite co-localisaient avec des gènes signalés précédemment pour la résistance à l'hémonchose et à la trypanosomiase. Ces analyses suggèrent que ces régions d'hétérozygotie réduite pourraient être des signatures de sélection pour ces maladies économiquement importantes.

Parmi les études de puces à ADN, on peut citer celle de **Gaouar et al. (2016b)** sur les races ovines. Dans cette étude, huit des neuf races ovines locales algériennes (D'man, Hamra, Ouled-Djellal, Rembi, Sidaoun, Tazegzawt, Berbère et Barbarine) ont été étudiées pour la première fois par génotypage du polymorphisme mononucléotidique à l'échelle du génome. A l'échelle internationale, les moutons algériens occupent une place originale façonnée par les relations avec les races africaines et européennes (italiennes notamment). La forte proximité génétique avec les races caribéennes et brésiliennes a confirmé que la constitution génétique de ces races américaines était largement influencée par la traite négrière atlantique. A l'échelle nationale, une dilution génétique alarmante du Berbère (une race primitive) et du Rembi a été observée, conséquence de pratiques d'accouplement incontrôlées avec les Ouled-Djellal. Un phénomène similaire, bien que moins prononcé, a également été détecté pour la Barbarine, une autre race ancestrale. L'originalité génétique semble mieux préservée à Tazegzawt, Hamra, D'men et Sidaoun. Ces races devraient bénéficier d'une priorité élevée dans l'établissement de plans de conservation pour enrayer leur disparition progressive. Pour le berbère et le barbarine qui se produisent également dans les pays adjacents limitrophes, des actions transnationales concertées urgentes sont nécessaires. **Belabdi et al. (2019)** ont étudié



dix races ovines algériennes et marocaines, dont trois races transfrontalières, réparties sur une grande partie de la région du Maghreb, qui représente une unité géographiquement et historiquement cohérente. Notre analyse de l'ensemble de données impliquant la réalisation d'un génotypage SNP à l'échelle du génome a révélé un haut niveau d'homogénéisation (analyses ADMIXTURE, NetView, STRUCTURE fine et segments IBD). L'analyse ACP a révélé que la majeure partie du Maroc et la partie nord de l'Algérie étaient concernées par le phénomène, y compris la plupart des races considérées. Le croisement non supervisé avec la race populaire Ouled-Djellal a été identifié comme une cause immédiate de cette homogénéisation. La question des races transfrontalières a été étudiée, et la race Hamra en particulier a été examinée via l'analyse des fragments ROH. La diversité génétique a été considérée à la lumière des arches historiques et des travaux anthropologiques. Tous ces éléments pris ensemble suggèrent que l'homogénéisation, en tant que facteur affectant le cheptel ovin maghrébin, a été particulièrement importante au cours des dernières décennies, bien que ce processus ait probablement commencé beaucoup plus tôt. L'homogénéisation génétique que nous avons observée remet en cause l'intégrité des ressources génomiques des animaux d'élevage que représentent ces races locales, dont la conservation est d'une importance cruciale pour l'avenir du secteur de l'élevage.

Le mouton Djallonké (Nain d'Afrique de l'Ouest) est un mouton poilu de petite taille résultant d'un processus évolutif coûteux d'adaptation naturelle à l'environnement hostile de l'Afrique de l'Ouest, y compris le défi trypanosomien. Cependant, les études génomiques réalisées chez ce mouton sont scannées. Dans cette recherche, les données génomiques de 184 moutons Djallonké (et 12 moutons Burkina-Sahel en tant qu'exogroupe) générées à l'aide de puces SNP de densité moyenne ont été analysées. Trois statistiques différentes (iHS, XP-EHH et nSL) ont été appliquées pour identifier les régions de balayage de sélection candidates couvrant les gènes potentiellement associés à l'adaptation des moutons à l'environnement ouest-africain. Un total de 207 régions de balayage de sélection de candidats ont été définies. L'enrichissement des annotations génétiques et les analyses d'annotations fonctionnelles ont permis d'identifier trois groupes fonctionnels statistiquement significatifs impliquant 12 gènes candidats. Les gènes inclus dans les clusters fonctionnels associés aux signatures de sélection étaient principalement liés à la réponse métabolique au stress, y compris la régulation du stress oxydatif et métabolique et la thermotolérance. Les zones chromosomiques bovines portant des QTL pour la trypanotolérance bovine ont été comparées aux régions sur lesquelles se trouvaient les gènes bovins candidats fonctionnels orthologues. L'importance du BTA4

bovin pour la réponse trypanotolérante pourrait avoir été préservée entre les espèces. La recherche actuelle fournit de nouvelles informations sur la base génomique de l'adaptation et souligne l'importance d'obtenir des informations auprès de populations de bétail non cosmopolites gérées dans des environnements difficiles (Álvarez *et al.*, 2020).

Adam *et al.* (2021) ont étudié la variation génomique chez un mouton du désert africain à queue fine échantillonné au Soudan, en utilisant des données de génotype 600K générées à partir de 92 individus représentant cinq écotypes. Ils ont inclus des données provenant de 18 moutons à queue grasse et de 45 moutons à queue fine de Chine, pour enquêter sur l'ascendance commune et effectuer une analyse génomique comparate. Ils ont observé une différenciation génomique claire entre le mouton du désert africain à queue fine et le mouton chinois à queue fine et à queue grasse, suggérant une large structure génétique entre les moutons à queue grasse et à queue fine en général, et qu'au moins deux sont les pools de gènes autosomiques comprennent le profil génomique du mouton à queue fine. Une analyse plus approfondie a détecté deux groupes génétiques distincts à la fois chez le mouton du désert africain à queue fine et chez le mouton chinois à queue fine, suggérant une architecture génomique complexe et à petite échelle chez le mouton à queue fine. L'analyse des signatures de sélection a suggéré des différences d'adaptation, de production, de reproduction et de morphologie probablement sous la structure génétique à petite échelle chez le mouton du désert africain à queue fine.

#### 4. Conservation des ressources génétiques ovines

##### 4.1. Conservation *in situ*

La conservation est l'une des méthodes pratiques pour ralentir ou arrêter le rythme auquel les races indigènes de moutons africains disparaissent ou sont menacées d'extinction. Il existe deux stratégies de base pour la conservation de la diversité génétique des animaux d'élevage, les conservations *ex situ* (*in vivo et in vitro*) et *in situ*. Chacun d'eux composés de diverses techniques. D'une part, la conservation *ex-situ* signifie que la conservation de la diversité des espèces a lieu en dehors de leur habitat naturel. D'autre part, la conservation *in situ* implique le maintien des ressources génétiques à l'endroit où elles se rencontrent naturellement soit dans un élevage traditionnel, domestique ou à l'état sauvage (Maxted, 2001).

Le succès de valoriser un RGA, c'est trouver à travers lui un objectif économique. Ainsi, certaines histoires de conservation *in situ* réussies existent sur le continent. En Éthiopie, les

stratégies de conservation et de gestion in situ des ovins sont passées de programmes de conservation et d'amélioration basés sur les stations à des programmes de conservation et d'amélioration basés sur les villages ou les communautés (CBBP). Ainsi, ces dernières années, la stratégie de sélection communautaire a pris de l'ampleur pour augmenter la productivité des moutons indigènes et donc améliorer les moyens de subsistance des petits exploitants agricoles ainsi que conserver la diversité génétique existante grâce à l'utilisation (**Mirkena et al., 2012 ; Molla, 2020**). Un programme communautaire d'élevage et de conservation a été développé avec succès pour les moutons Horro dans les régions de Shambu, les moutons Menz dans les régions de DebreBerhan et MehalMeda, les moutons Afar dans la région Afar et les moutons Bonga dans la région de Bonga en Éthiopie (**Molla, 2020**). Dans le système de production ovine paysanne africaine, les approches communautaires ont l'avantage de s'affranchir des problèmes d'interaction génotype-milieu, d'éviter le décalage génétique entre noyau et populations villageoises, et sont donc adaptées à la conservation in situ des ressources génétiques animale indigènes (**Solomon et al., 2011**). En outre, l'approche communautaire garantit la pleine participation des agriculteurs et sera plus durable à long terme car les communautés locales sont en mesure d'aider au développement d'une approche plus pratique, ciblée et efficace de la conservation ciblée localement. L'aspect collaboratif de cette approche permet également aux populations locales et aux ingénieurs d'être plus fiers de la biodiversité indigène et de sa conservation (**Maxted, 2001**).

En Algérie, l'Etat a depuis longtemps mis en place des instituts de préservation des races domestiques dans un esprit de conservation ex-situ in vo. Pour les ovins, le meilleur exemple est celui de la préservation de Hamra, où actuellement l'institut technique d'élevage (ITElv) d'Aïn El Hadjar, Saida distribue régulièrement des troupeaux de 01 mâles et 10 femelles aux éleveurs désireux et ayant rempli les conditions établies par l'Institut. Cette action a plus ou moins sauvé la race de l'extinction. Un autre exemple en Algérie est celui de la race Tazegzawth où un programme de collaboration triangulaire (Institut National de Recherche Agronomique Algérien (INRAA), ITElv de Béjaia et éleveurs) a été initié par **El Bouyahaoui**. Et donc pour préserver la race.

Au Maroc on peut citer l'initiation par l'Association Nationale Ovin Caprin (ANOC). qui a permis de réhabiliter de manière très efficace la race des Moutons Blancs suite à la création d'un réseau interprofessionnel à vocation économique.

#### 4.2. La conservation *ex situ*

Elle est le processus de protection d'une espèce végétale ou animale en voie de disparition en retirant une partie de la population d'un habitat menacé et en étant capable de la déplacer vers un nouvel emplacement, qui peut être une zone de nature sauvage ou aux soins des humains. On parle donc de conservation *ex-situ in vivo*. Cette conservation *ex-situ* peut aussi se faire en prélevant une partie d'un taxon pour la mettre dans une banque de spermatozoïdes, d'ovules, de tissus et/ou d'ADN... Dans ce cas on parle de conservation *ex-situ in vitro*. Cependant, les méthodes de conservation *ex-situ* utilisées en Afrique incluent principalement les jardins botaniques et zoologiques et l'arboretum. Les banques de gènes et le stockage *in vitro*, les banques d'ADN et les efforts de cryoconservation sont rares.

On note qu'en Algérie la conservation *ex-situ in vivo* est principalement assurée par l'institut technique de l'élevage (ITElv) et l'institut pour le développement de l'agriculture saharienne (ITDAS). La conservation *in vitro ex situ* est plutôt assurée par le Centre national d'élimination artificielle et d'amélioration génétique (CNIAAG) et le Centre de recherche en biotechnologie (CRBt), mais la plus grande banque d'ADN d'espèces et surtout de races ovines algériennes est détenue par le laboratoire de Génétique Appliquée en Agronomie, Ecologie et Santé publique de l'Université de Tlemcen.

#### 4.3. Utilisation durable des ressources génétiques ovines

Plus de 6 379 races-populations documentées d'environ 30 espèces de bétail ont été développées au cours des 12 000 ans depuis la domestication des premières espèces de bétail (Scherf 2000, dans Gibson *et al.*, 2012). Ces races ont développé des adaptations qui leur permettent d'être productives dans un large éventail de situations, y compris certains des environnements naturels les plus hostiles jamais habités par l'homme. Ces caractéristiques génétiques naturellement évoluées fournissent un ensemble cohérent de solutions durables pour la résistance aux maladies, la survie et le rendement. Malheureusement, ces caractéristiques ont souvent été ignorées dans les efforts de recherche de solutions technologiques et dans la gestion des problèmes individuels d'élevage dans les systèmes à faibles intrants. On estime que 35 % des races de mammifères et 63 % des races aviaires sont menacées d'extinction et qu'une race est perdue chaque semaine. Bien qu'elles ne soient pas clairement établies, les menaces qui pèsent sur les ressources zoogénétiques dans les pays en développement semblent augmenter rapidement, principalement en raison des changements

rapides dans les systèmes de production et de l'utilisation intense du métissage. Les menaces émergentes, telles que la mise en œuvre de politiques d'abattage pour prévenir la propagation de maladies chez le bétail faisant l'objet d'un commerce important telles que la fièvre aphteuse, et les zoonoses telles que l'encéphalopathie spongiforme bovine et la grippe aviaire, peuvent aggraver la maladie. Le risque d'extinction des races dans les pays développés et aussi dans les pays en voie de développement. La conservation efficace des ressources génétiques du bétail, qu'elle soit in situ ou ex situ, implique la mobilisation d'importantes ressources sociales et économiques sur de longues périodes. Ces ressources sont souvent disponibles dans les pays développés, où il existe souvent une forte proportion de races rares de bétail qui sont déjà efficacement préservées. Cependant, la majorité de la diversité génétique du bétail se trouve dans les pays en développement, où les ressources pour la conservation sont rares. Par conséquent, il semble probable que des choix difficiles devront être faits sur ce qu'il faut conserver avec les ressources limitées disponibles. Les informations sur la diversité génétique sont utiles pour optimiser la conservation et les stratégies d'utilisation des ressources génétiques agricoles. Idéalement, nous aimerions nous assurer que toutes les variations génétiques existantes restent disponibles pour une utilisation future de la manière la plus rentable. Dans la pratique, les ressources seront souvent insuffisantes pour maintenir la pleine diversité génétique d'une espèce donnée. Même lorsque les ressources sont suffisantes, nous n'avons pas une connaissance complète de toutes les variations fonctionnelles génétiques d'une espèce. Ainsi, assurer la conservation de presque 100% de la variation fonctionnelle impliquerait la création d'un processus inefficace de rétention de beaucoup plus d'individus ou de populations (races, appartenances) qu'il ne serait nécessaire si nous disposions d'informations complètes. (**Gibson *et al.*, 2012**).

Ainsi, pour les races ovines indigènes africaines qui jouent un rôle important dans les moyens de subsistance des agriculteurs communaux, leur utilisation doit donc être abordée en tenant compte du système socio-écologique dans lequel elles se trouvent. De nombreux facteurs entravent l'utilisation durable des ressources génétiques ovines dans les communautés rurales et doivent être traités. Ceux-ci incluent le manque de programmes de sélection structurés, une mauvaise tenue des registres, des ressources alimentaires insuffisantes, des maladies et des problèmes de santé ainsi qu'un manque de compétences et de connaissances techniques (**Molotsi *et al.*, 2019**). La sélection génomique peut être appliquée pour améliorer les domaines de la durabilité environnementale des systèmes d'élevage ovin à petite échelle en

Afrique, mais doit cibler des environnements de production spécifiques, des défis ainsi que les opportunités de la production à petite échelle (**Molotsi *et al.*, 2017**).

En général, un programme de gestion des ressources animale est plus important et plus efficace, lorsqu'il intègre le titulaire triangulaire RGA-décideurs-chercheurs (ce type de modèle est très bien appliqué au Maroc, notamment via l'Association Nationale des Ovins et des Caprins, ANOC). Cependant, notre expérience en Afrique nous amène le plus souvent à adopter une méthode à deux acteurs, titulaires RGA-chercheurs, mais cette action doit passer par un effort important de sensibilisation des éleveurs sur les risques d'extinction des races et l'efficacité des Des chercheurs africains (ce type de modèle est en train d'être appliqué notamment en Algérie via l'équipe de formation en génétique de l'Université de Tlemcen) (**Gaouar, 2002 et Gaouar, 2009**).

L'absence d'une politique étatique d'identification des animaux dans la plupart des pays africains est un problème majeur dans la gestion et le développement des animaux domestiques.

## **5. La filière ovine en Afrique**

En Afrique, l'élevage d'herbores dépend largement de la récolte directe de la végétation spontanée et cultivée, de sorte que la carte des systèmes d'élevage suit approximativement la répartition spatiale de la végétation, elle-même déterminée par les régimes pluviométriques et par les températures. Cette cartographie sommaire peut être nuancée si l'on tient compte de l'altitude, de la présence de vecteurs de maladies (comme les mouches tsé-tsé), de la proximité d'un cours d'eau et de zones irriguées (Nil, Niger, etc.), de la présence de grands centres urbains ou, au contraire, l'isolement. C'est ainsi que les systèmes pastoraux dominant dans les zones peu peuplées arides ou subhumides, et les systèmes mixtes avec intégration de l'agriculture pluviale et de l'élevage dominant dans les zones plus densément peuplées des zones de savane subsaharienne, de climat méditerranéen en Afrique du Nord et du Sud et en Afrique du Sud. Les hautes terres (Éthiopie, Kenya, Madagascar, etc.), que les systèmes mixtes associés aux cultures irriguées dominant dans les zones du delta (Nil, Niger, etc.), et que les spécialistes des systèmes se multiplient dans les zones périurbaines (**Alary et Lhoste 2002, Robinson et al 2011**).

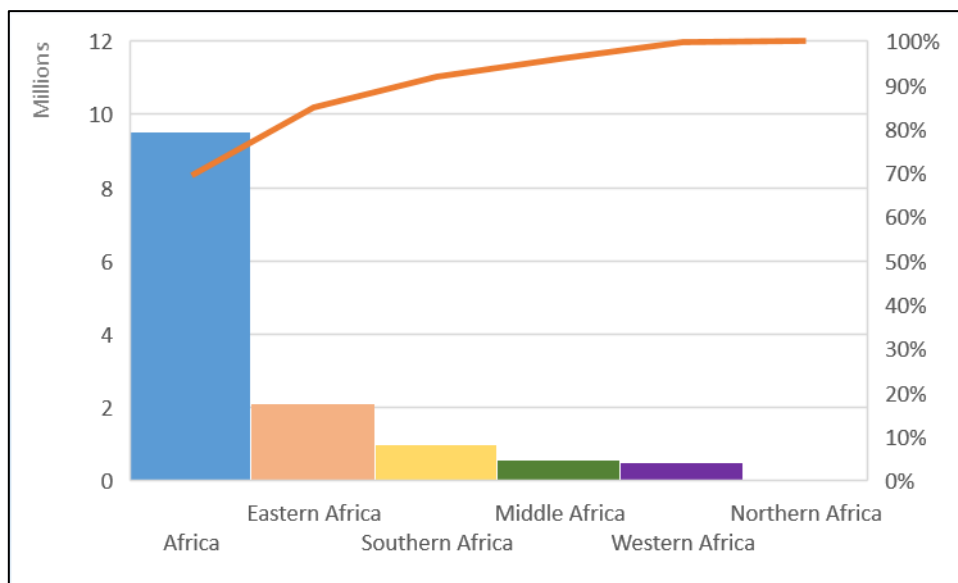
La révolution de l'élevage est restée jusqu'ici largement confinée aux pays émergents, faute de quoi il est difficile de prévoir une explosion comparable de la consommation de produits

animaux en Afrique subsaharienne dans les décennies à venir. Les sources de cette explosion seront sans doute similaires : croissance démographique, urbanisation et évolution des modes de consommation. L'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) prévoit un doublement de la consommation de viande par habitant en Afrique d'ici 2050 (de 11 à 22 kg/an/habitant).

### **5.1. Filière de production de lait de brebis en Afrique**

Le rôle du lait de brebis dans l'alimentation humaine est important dans de nombreux pays en développement et en particulier dans les pays méditerranéens, d'Europe de l'Est, du Moyen-Orient et d'Amérique du Sud. Une grande variété de produits sont fabriqués à partir du lait de brebis, tels que de nombreux fromages, yaourts, beurre, etc. Le lait de brebis est couramment utilisé pour fabriquer des produits laitiers de culture. Il existe un nombre relativement limité de races ovines spécialisées à des fins laitières. Les races de brebis laitières les plus productives au monde sont la Lacaune, la Frisonne orientale, la Sarda, l'Assaf, la Chios et l'Awassi. Le lait de brebis est plus riche en matières grasses, en solides et en minéraux que le lait de vache et le lait de chèvre. Ces caractéristiques le rendent idéal pour la fabrication du fromage (**Skapetas Kalaitzidou, 2017**).

La figure 05 représente la production du lait de brebis en Afrique pendant 10 entre les années 2019-2019



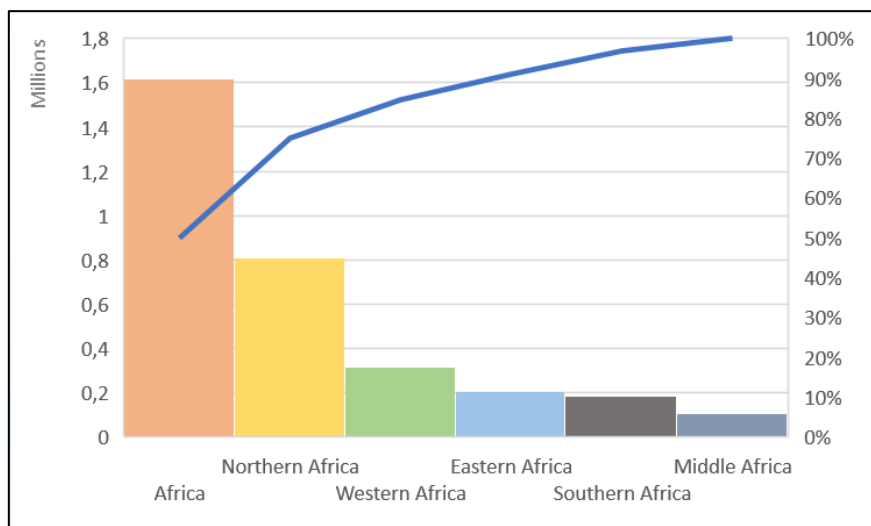
**Figure 5. Production du lait de brebis (Millions de tonnes) en Afrique en 2009 et 2019 (Faostat, 2021)**

### 5.2. Filière de production de Viande Ovine en Afrique

La viande ovine est l'une des quatre principales catégories de viande au monde avec la viande bovine, la viande porcine et la viande de volaille. Les moutons élevés pour la production de viande constituent la majeure partie de la population ovine mondiale.

La figure 6 représente la production de viande pendant 10 ans entre les années 2009 et 2019



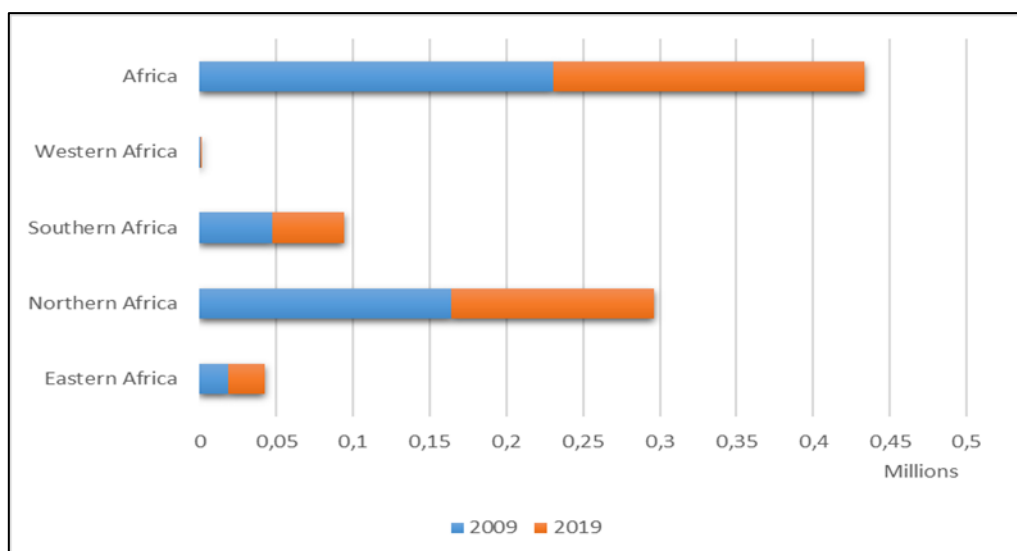


**Figure 6. Production de viande ovine (millions de tonnes) en Afrique en 2009 et 2019 (Faostat, 2021)**

### 5.3. Production de la laine de mouton en Afrique

La laine a été d'une importance primordiale tout au long de l'histoire de l'homme (Ryder, 2007) et a été le premier produit à justifier le commerce international. En plus des vêtements, la laine est utilisée pour les tapis, les couvertures, les couvertures pour chevaux, le feutre, etc. Bien que ce produit ne représente que 3 % de la production mondiale de fibres, il est important pour l'économie et le mode de vie de nombreux pays du monde. Pendant ce temps, avec l'augmentation progressive de l'utilisation des fibres synthétiques, la demande de production de laine a rapidement diminué. Malgré le taux élevé de production ovine en Afrique, de nombreux pays africains ne maximisent pas l'élevage de la laine. Bien que les moutons soient très rentables pour leur viande, leur graisse, leur lait et leur cuir, l'élevage de la laine est également une entreprise rentable et peut augmenter les revenus des éleveurs d'au moins 20 %.

La figure 07 représente la production de la laine en Afrique pendant 10 ans entre les années 2010-2019.



**Figure 7. Production de laine de mouton (tonnes) dans le monde en 2009 et 2019**  
(Faostat, 2019)

#### 5.4. Production de peau crue

Les cuirs et les peaux pouvaient être obtenus à partir de poissons, d'oiseaux et de reptiles ainsi que d'animaux sauvages et domestiques. Les sources les plus importantes sont les bovins, les ovins et les caprins.

La production de peaux brutes d'ovins pour les années 2000 et 2012. Au niveau mondial une augmentation de 405% est observée durant la période 2000-2012. L'Océanie a connu une augmentation spectaculaire de la production de peaux brutes de 2776%, suivie de l'Afrique (41,1%) et de l'Asie (23,2%). Au contraire, en Europe et dans l'UE (28) on a observé une diminution significative. Parmi les continents, l'Océanie détient la plus grande contribution (80,7 %) dans la production de peaux de mouton, suivie de l'Asie avec une contribution de 11,7 % (Faostat, 2012). Parmi les différents pays, la Nouvelle-Zélande occupe la première place (7 110 916 tonnes, 79,5 % de la production mondiale totale), suivie de la Jordanie (293 540 tonnes) et de l'Australie (112 194 tonnes).

Le cuir de peau de mouton a une texture lisse, il peut remplacer la peau de daim et à partir de là, on peut fabriquer des gants, des vêtements, des chaussures, etc. La peau d'agneau et la peau de mouton sont des produits en laine. La toison de mouton a d'excellentes propriétés isolantes et elle est résistante aux flammes et à l'électricité statique. À partir d'eux peuvent être

produits des vêtements ou des revêtements doux doublés de laine (gants, chapeaux, pantoufles, etc.) (Skapetas et Kalaitzidou, 2013).

Ainsi, afin d'étudier les caractéristiques de qualité physique du cuir de différentes races de moutons, des peaux ont été obtenues à partir de Dohne Merino, Dormer, Dorper, Meatmaster, Merino, Afrique du Sud Mutton Merino (SAMM) et White Dorper yearlings à partir de deux études de croissance distinctes. Les peaux durcies ont été stockées pendant 18 mois (Groupe 1) et 9 mois (Groupe 2) avant le tannage. Après le tannage, des échantillons de la région du talon des peaux ont été prélevés pour déterminer la résistance à la traction et les propriétés de distension. Alors que le sexe a eu peu d'effet ( $P > 0,05$ ) sur les caractéristiques physiques du cuir dans les deux groupes, la race a eu un effet plus défini. Les échantillons de cuir des moutons White Dorper, Meatmaster et Dorper avaient des résistances à la traction supérieures à celles des races à laine ( $\sim 15,23$  N/mm<sup>2</sup> contre  $\sim 9,31$  N/mm<sup>2</sup>, respectivement ;  $P \leq 0,05$ ). Dans les deux groupes de production, les peaux White Dorper présentaient la force de rupture la plus élevée (207,3 N et 280,5 N) et le pourcentage d'allongement à la rupture (103,5 % et 77,2 %). Alternativement, les peaux Merino, SAMM, Dohne Merino et Dormer ont montré des propriétés plus faibles qui ont réduit

La mesure dans laquelle ces peaux pouvaient être rasées sans se casser, résultant en un cuir plus épais avec des caractéristiques plus faibles que celui des races de moutons à poils. Les propriétés du cuir des races de moutons à poils ressemblent davantage aux stipulations de l'industrie pour les produits en cuir nappa ; tandis que les peaux de qualité inférieure provenant de races à laine sont moins recherchées et peuvent nécessiter différents processus de tannage pour obtenir un produit amélioré (Van der Merwe *et al.*, 2021).

On pense que l'Éthiopie a le plus grand cheptel d'Afrique. Sur la base de taux de prélèvement annuels de 7 % pour les bovins, 33 % pour les ovins et 35 % pour les caprins, la production potentielle est estimée à 2,38 millions de peaux de bovins, 10,07 millions de peaux de moutons et 7,38 millions de peaux de chèvres en 1998/99. Cette matière première de l'industrie du cuir provient principalement de zones locales du pays où les commodités de base pour l'abattage et la commercialisation ultérieure sont soit inexistantes, soit absentes. Les peaux de bovins et les peaux de chèvres et de moutons sont des produits économiques importants qui contribuent à la plus grande part du total des produits d'exportation agricoles, suis des animaux vants (Solomon *et al.*, 2003). La disponibilité des cuirs et peaux par l'abattage ou la mort du bétail revêt une importance particulière pour l'industrie du cuir. Les

cuirs et peaux ont été l'une des principales sources de devises étrangères du pays. Bien qu'il se classe aujourd'hui au quatrième rang, après le café, le chat et l'exportation d'oléagineux, dans les années 1980 et 1990, il était le deuxième pourvoyeur de devises étrangères. En 2011, l'Éthiopie a gagné 139,28 millions de dollars américains grâce à l'exportation de cuir fini, de chaussures, de vêtements et de gants vers des pays étrangers (CSA, 2011). Cependant, la production de cuirs et peaux dans le sous-secteur est contrainte par des problèmes structurels, de production, d'échange d'informations et de qualité, ainsi que par des contraintes financières. Malgré son potentiel, les cuirs et peaux ont enregistré de faibles performances non seulement dans le secteur de la production mais aussi dans la commercialisation des produits en cuir et peau. Par conséquent, ces problèmes de production et de commercialisation des produits en cuir et peau ont conduit à une revue de la littérature sur ses tendances de production et de commercialisation (Adem *et al.*, 2019).

Malheureusement, en Algérie ce potentiel économique est très mal exploité et la majorité des peaux et des laines sont jetées. Ce n'est pas le cas au Maroc et en Tunisie où l'artisanat est très développé et donc les peaux et les laines sont très bien exploitées.

## Chapitre 4. Cheptel ovin en Algérie et systèmes d'élevage

### 1. Historique des ovins en Algérie

De nombreux auteurs anciens qui se sont attachés à étudier les ovins en Algérie (**Jore d'Arce, 1947 ; Sagne, 1950 ; Chellig, 1992**) se rejoignent dans la description des gravures rupestres du cinquième millénaire avant notre ère et qui témoignent de la pratique très ancienne de l'élevage ovin en Algérie. Mais l'origine des moutons algériens reste controversée (**Trouette, 1929**). Et **Sagne (1950)** rapporte que le cheptel ovin algérien aurait une double origine : occidentale et orientale.

Pour l'origine occidentale, **Trouette (1929)** plaide pour une introduction de l'ovin à queue fine (à l'origine du tronc commun « arabo-berbère ») par les romains, au V<sup>ème</sup> siècle, venant de Tarente en Italie.

Quoi qu'il en soit, il existe en Afrique du Nord un mélange complexe de races ovines issues de croisements désordonnés et de métissages sans nombre, favorisés par un mode d'élevage très complexe, à savoir le nomadisme et la transhumance, et il est très difficile de parvenir à extraire les types primitifs qui participèrent à leur formation (**Sagne, 1950 ; Magneville, 1959 ; Lauvergne, 1988**).

### 2. Effectifs - production ovine et son évolution en Algérie

Il est difficile de connaître avec précision l'effectif exact du cheptel ovin national, le système de son exploitation principalement nomade et traditionnel ne le permet pas (**Khiati, 2013**). Selon les statistiques du Ministère de l'Agriculture l'effectif ovin a été estimé à environ 29 millions de têtes en 2021 (**MADRP, 2021**).

L'évolution globale des effectifs du cheptel ovin a été marquée sensiblement, depuis un demi-siècle, par désordre qui relève de certains facteurs inhérents au développement, la progression et l'intensification de la céréaliculture vers la steppe et avec un système pastoral implanté dans des zones arides ou semi-arides qu'est caractéristique de la société nomade pratiquant des mouvements de transhumance avec une utilisation extensive des parcours sur de longues distances et un usage de terres dans l'accès est plus au mois réglementé et collectif. Ainsi l'alimentation des ovins est largement basée sur la valorisation des "unités fourragères gratuites" (**Rondia, 2006 cités par Khiati, 2013**).

L'évolution du cheptel est passée chronologiquement par trois grandes étapes réussies :

**a. Avant le colonialisme**

Les terres cultivées étaient infiniment moindres et la plus grande partie était le domaine des tribus nomades et de leurs troupeaux.

**b. Durant la période coloniale**

De 1846 à 1962, l'effectif a connu une régression notable passant de 8 millions de têtes en 1864 à 3 millions seulement en 1946 à cause des sécheresses périodiques de cette époque (sécheresses de 1932 et de 1946) et de la transportation des animaux vers la France (**M'hamed, 1982 cités par Tabouche, 1985**). Ainsi qu'à cause de l'apparition des charrues et des tracteurs et la mise en valeur des terres, les cultures ont progressivement gagné sur les pâturages. Ceci a abouti au rétrécissement et au refoulement des troupeaux hors circuit de progression et par conséquent fait régresser le cheptel ovin pendant cette période.

**c. Après l'indépendance et la période de céréaliculture excluse sans bétail**

Les agriculteurs commencent à s'inquiéter, ils se rendent compte que leurs terres ont le stock d'humus qui s'épuise et perd progressivement leur fertilité, ce qui a initié une révolution fourragère qui a permis à l'élevage de faire en peu d'année des progrès considérables (**Cabée, 1959**).

L'élevage ovin assure plus de 58% de la production nationale de viande rouge. Et il s'étend sur toute la partie nord du pays avec une forte concentration dans la steppe et les hautes plaines céréalières semi-arides (80 % de l'effectif total). Il existe encore au Sahara des populations qui exploitent les ressources des oasis et des parcours sahariens (**Yakhlef et al., 2002**).

En Algérie et en Tunisie (**Ansari-Renani, 2012, Harizi et al., 2015, Belharfi et al., 2018**), la laine est vendue sur le marché local et utilisée dans l'industrie du tapis et l'artisanat, mais aussi pour produire des vêtements et des éléments de literie comme matelas, couvertures et oreillers (**Djennadi, 2006, Harizi et Abidi, 2015**).

**3. Répartition géographique de l'élevage ovin**

En Algérie, les ovins sont répartis sur toute la partie nord du pays, avec toutefois une plus forte concentration dans les hautes plaines céréalières et les parcours steppiques. Au niveau de ces derniers on trouve deux tiers (plus de 60 %) de l'effectif total ( **cité par Saidi-Mahtar et al., 2009**), c'est le domaine de prédilection de l'élevage ovin et caprin.

Dans les hautes plaines semi-arides de l'Est algérien l'élevage ovin est pratiqué par plus de 80% des exploitations agricoles et occupe la première place par rapport aux autres espèces (bovines et caprines). Bien que leur importance ne soit pas en elle-même une spécialisation, les ovins constituent une activité au sein d'un ensemble de systèmes de production qui peuvent être qualifiés de complexes, souvent basés sur l'association polycultures-élevages **(Benyoucef et al., 2000)**.

En fait le mouton algérien par sa rusticité est le seul animal qui permet la mise en valeur de la steppe, sans cet animal, la steppe ne serait que désert où l'homme serait incapable de vivre. Il existe aussi des populations au Sahara, exploitant les ressources des oasis et des parcours désertiques **(AnGR, 2003 ; Khelifi, 1999 ; Nedjraoui, 2001)**.

Malheureusement, depuis quelques temps et surtout après la généralisation de la mécanisation dans l'agriculture, la population ovine a connu de grands changements au niveau des effectifs des races et de leur berceau ; un phénomène dangereux menace la diversité génétique de notre cheptel ovin par l'assimilation et le remplacement de certaines races par d'autres, ce qui va sans doute diminuer la variabilité génétique du cheptel et donc diminuer sa capacité à répondre à un programme de conservation ou amélioration future.

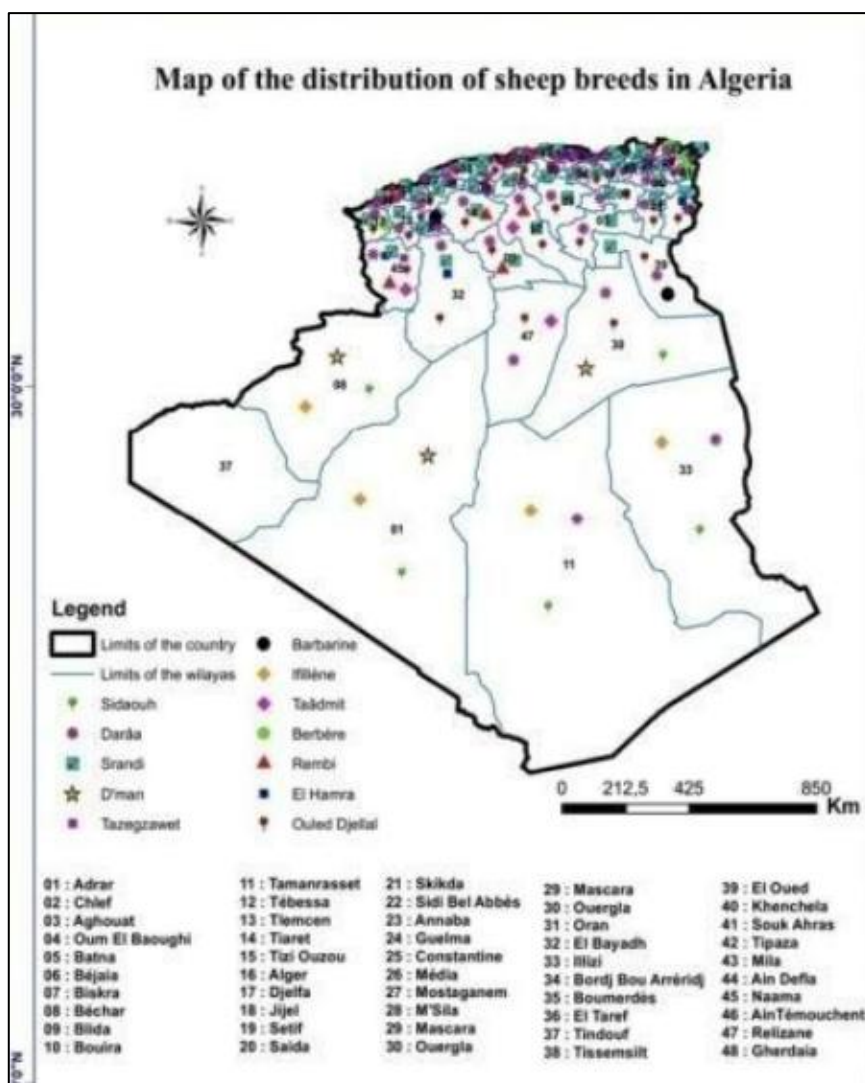


Figure 8. Répartition des races ovines au niveau du territoire Algérien (Djaout *et al.*, 2017)

#### 4. Système d'élevage ovin en Algérie

Les systèmes d'élevage ovin restent largement dominés par les races locales et se distinguent essentiellement par leur mode de conduite alimentaire (Rondia, 2006). Il y a :

##### 4.1. Système extensif

C'est un système pastoral ou nomade (Rondia, 2006). Pour les troupeaux qui sont sur les steppes et les parcours sahariens (zones arides ou semiarides). Il se caractérise par une reproduction naturelle, non contrôlée que ce soit pour la charge bélier/brebis, la sélection, l'âge de mise à la reproduction ou l'âge à la réforme, et sa forte dépendance vis-à-vis de la végétation naturelle, donc demeure très influencé par les conditions climatiques (Harkat et



**Lafri, 2007)** et leur recherche explique l'ensemble des mouvements des troupeaux (**Cuillermou, 1993**).

Le principe de ces derniers se résume à transhumer vers le nord pendant l'été et l'automne sur les hauts plateaux à céréales (pâturage du chaumes-Hacida) « Achaba » (transhumance d'été) et le retour vers le sud en hiver « Azzaba » (transhumance d'hiver) (**Chellig, 1992**).

#### **4.2. Système semi extensif**

C'est un système agro-pastoral (**Rondia, 2006**). Pour les troupeaux qui sont sur les hauts plateaux à céréales, où ce système constitue un élément clé du système agraire de cette zone et qui se caractérise par la complémentarité céréaliculture/élevage ovin (**Chellig, 1992 ; AnGR, 2003**).

#### **4.3. Système intensif**

Représenté par les élevages en bergerie ou dans des enclos d'engraissement des agneaux prélevés des systèmes extensifs ou semi extensifs de la steppe et des hautes plaines céréalieres. Contrairement au système extensif, ce type de système fait appel à une grande consommation d'aliments, une importante utilisation des produits vétérinaires ainsi qu'à des équipements pour le logement des animaux (**Adamou et al., 2005**). Ce système est destiné à produire des animaux bien conformés pour d'importants rendez-vous religieux. Il est pratiqué autour des grandes villes du nord et dans certaines régions de l'intérieur, considérées comme marchés d'un bétail de qualité (**AnGR, 2003**).

### **5. Présentation des races ovines algériennes**

En Algérie, les ovins constituent une véritable richesse nationale pouvant être appréciée à travers son effectif élevé par rapport aux autres spéculations animale et particulièrement par leur diversité (**Dekhili, 2010**).

Les races dominantes en Algérie sont la race blanche dite Ouled Djellal, la race Hamra et la race Rembi alors que les autres races (Berbère, Barbarine, D'man, Sidaou ou Tergui et Taâdmite) sont considérées comme secondaires avec des faibles effectifs . (**Feliachi, 2003**).

Une classification des races ovines algériennes a été faite en 1857 par Mr Bernis (**Société Impériale Zoologique d'Acclimatation, 1859**) qui a divisé le cheptel ovin en trois catégories :

✓ **Le mouton Touareg**, qui est appelé par les naturalistes "le Mouton Morvan", ces moutons n'ont pas de laine, ils sont revêtus de poils ras.

✓ **Le mouton à grosse queue** de la province de Constantine, ces moutons ont été trouvés sur une grande partie de la province, la queue grasse est très développée surtout chez les mâles.

✓ **Le mouton à laine et à queue ordinaire** dans l'ouest de la province de Constantine et celle d'Alger et d'Oran.

Une autre classification place les différentes races, selon leurs origines, en trois grandes catégories : l'Arabe, la Barbarine et la Berbère (**Sagne, 1950**).

✓ **Le groupe Berbère** est considéré comme l'ancêtre des ovins du Nord d'Afrique, selon les peintures rupestres de l'âge de pierre (**Sanson, 1973**), ce groupe était la source des deux races actuelles Berbère et Hamra.

✓ **Le groupe Arabe** (y compris Ouled-Djellal et Rembi) a été probablement introduit dans le pays pendant les invasions des Zénète (**Sagne, 1950 ; Turries, 1976**) c'est-à-dire après l'occupation romaine et avant la conquête arabe. Alternativement, d'après (**Trouette, 1933**), ce groupe est considéré comme ayant été introduit par les Romains, célèbres utilisateurs de laine.

✓ **Le groupe Barbarine**, source du même nom de race, est considéré comme « exotique » par (**Sagne, 1950**) en raison de son origine asiatique. Cette race, est la seule race à queue grasse en Algérie, elle a été introduite à ~ 400 avant JC et réintroduite plus tard (900 après JC) par des Arabes du Moyen-Orient de l'Asie (**Sanson, 1973**)

Contrairement aux six autres races, D'men et Sidaou n'appartiennent pas au groupe des « races à laine » ; D'man rentre dans le groupe « des races à laine et à poils » et la race Sidaou rentre dans le groupe des races à poils.

### **5.1. Race Ouled Djellal**

Historiquement, elle aurait été introduite par les Ben-Hillal venus en Algérie au XI<sup>ème</sup> siècle du Hidjaz (Arabie) en passant par la haute Egypte sous le Khalifa des Fatimides. La race Ouled Djellal, encore appelée la race Blanche, est la plus importante race ovine algérienne. C'est un véritable mouton de la steppe et le plus adapté au nomadisme, avec une aptitude

avérée aux régions arides. Son effectif représente 63% de l'effectif ovin couvrant 60% du territoire pastoral algérien (**Aissaoui et al., 2004**).

Selon **Sagne (1950)**, le qualificatif d'arabe se rattache au territoire où habite une majorité d'éleveurs de langue arabe ; et non pas introduite par les Arabes « Béni-Hillal » (**Trouette, 1929**). Le peuplement ovin des steppes fut postérieur à l'occupation romaine et antérieure à la conquête arabe. Il est donc en relation évidente avec les invasions Zénètes et le développement du gret nomadisme, né de l'apparition du dromadaire en Afrique du nord (**Sagne, 1950 ; Turries, 1976**). Cette race existe aussi en Tunisie sous le nom de "Bergui ou Queue fine de l'Ouest" (**Snoussi, 2003**).

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

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

La race Ouled Djellal ne présente pas un saisonnement particulier et peut mettre bas au printemps comme en automne (**Dehimi et al., 2001**). Ceci complique l'alimentation et la satisfaction de ses besoins individuels de production.

Les brebis Ouled Djellal sont souvent dans un état corporel médiocre à moyen au moment de la mise bas. Elles sont en général alimentées à base de pâturage saisonnier dont la disponibilité et la qualité sont assez variables et ne permettent pas toujours la couverture de leurs besoins en début de lactation. Dans ces situations alimentaires, il est important de pouvoir mettre en évidence l'intérêt pour l'éleveur de disposer de brebis dans un état corporel acceptable (**Chemmam et al., 2009**).

❖ *Variétés de race Ouled Djellal :*

**Chellig (1992)** distingue trois variétés ou types principaux :

- ✓ Type Laghouat, Chellala, Taguine, Boughari
- ✓ Type du Hodna ou Ouled Naïl
- ✓ Types Ouled Djellal proprement dits.

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

Une autre variété appelée **Samïia** ou Mssamia qui se trouve dans la région de Souamea, Ouled Derradj (M'sila), elle a un format plus gret que les autres variétés, et elle est excellente laitière. Elle est entrain de dominer la région de M'sila (**Djaout et al., 2017**).

**Tableau 3: Cractéristiques des variétés de la race Ouled Djellal (Djaout et al., 2017).**

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



**Figure 9. Bélier Ouled Djellal  
(Djaout, 2014)**



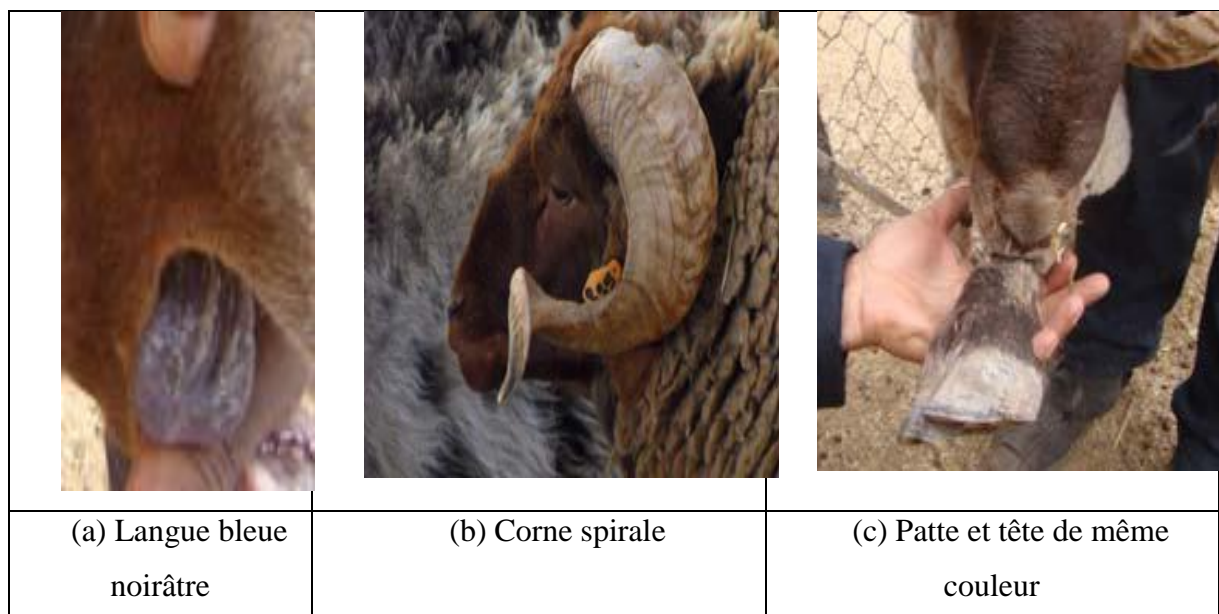
**Figure 10. Brebis de la race Ouled Djellal  
(Belhafi, 2017)**

## 5.2. Race Hamra

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

Elle est très appréciée pour sa rusticité mais surtout pour la saveur et la finesse de son poil. Son effectif était estimé à 3 millions 200 milles têtes au début des années 90 (**Chellig, 1992**) pour atteindre 500 milles en 2003 (**Feliachi et al., 2003**), ce dernier a beaucoup diminué pendant ces dernières années. Cette diminution est due surtout à l'introduction massive, par les éleveurs, de la race Ouled-Djellal dans le berceau de cette race.

Le berceau de la race Hamra était étendu du Chott Chergui à la frontière marocaine (**Chellig, 1992**). Actuellement, la race Hamra est localisée surtout au niveau de la région Ouest de la steppe au niveau des Wilayas de Saïda, El-Bayed, Nâama et Tlemcen. Indiquent que la race Hamra pure n'existe qu'aux niveaux des institutions étatiques de préservation ITELV, CNIAAG et les éleveurs conventionnés avec l'ITELV.



**Figure 11. Paramètres d'identification morphologique de la race Hamra**

(Source : CRSTRA ; ITELV Saïda. 2011)

Phénotypiquement, la race El Hamra (**Rahal et al., 2011**) a une conformation idéale de mouton à viande, ce dernier est de petite taille, sa tête et ses pattes sont marron foncé, sa langue est de couleur bleu noirâtre, sa laine est blanche, ses cornes spiralées, et sa queue est fine et de longueur moyenne.



**Figure 12. Béliers de race Hamra**  
(Chekkal, 2014)

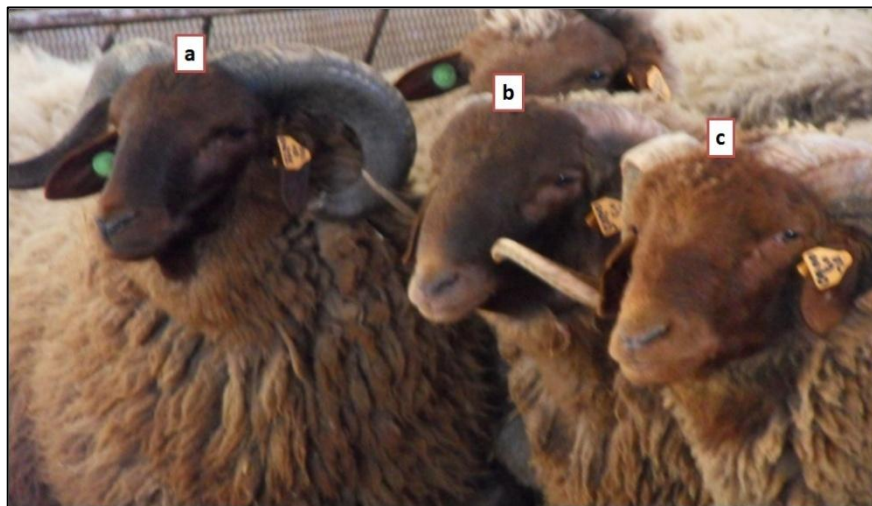


**Figure 13. Brebis de la race Hamra**  
(Djaout et al., 2017)

❖ *Variétés de la race Hamra :*



Selon le degré de la couleur brune de la tête et des membres de cette race, nous avons enregistré trois types : Acajou foncé presque noire (a), Acajou foncé (b) et Acajou claire (c) (Figure 14):



**Figure 14. Les trois variétés de la race Hamra**

(Source : CRSTRA ; ITELV Saïda. 2011)

### 5.3. Race Rembi

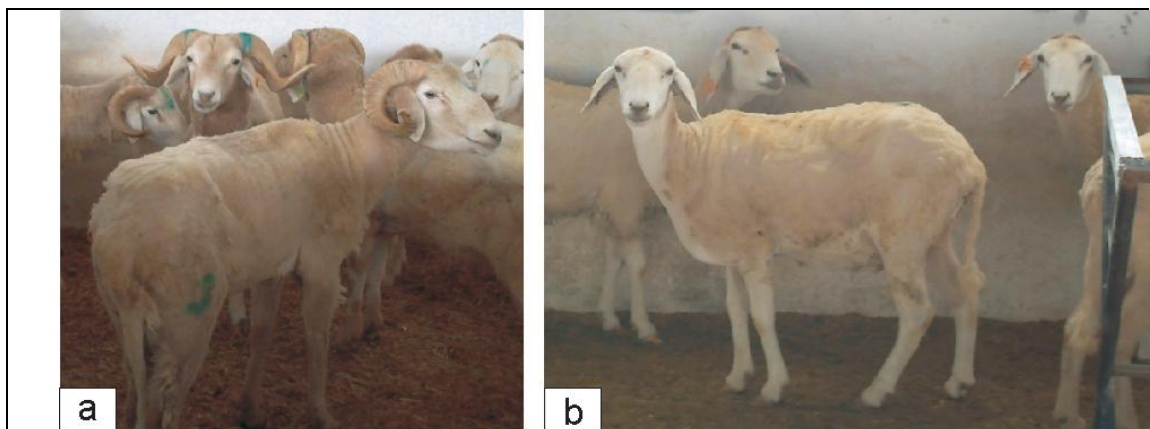
La race Rembi (nommée "Sagâa" dans la région de Tiaret). Historiquement, la Rembi occupait presque toute la steppe de l'Est à l'Ouest du pays et présente une meilleure adaptation à la steppe et parcours de montagne par rapport à la race Ouled-Djellal grâce à sa grande rusticité. Ce mouton Rembi est particulièrement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

De plus, son effectif qui était estimé à 2,2 millions de têtes en 2003 (Feliachi *et al.*, 2003), connaît aujourd'hui une diminution drastique et ne compterait plus actuellement qu'une dizaine de millier d'animaux.

- ❖ **Sagne en 1950** a présenté deux variétés chez la « Rembi » :
- ✓ Le mouton arabe à tête fauve ou sous race « Rembi des Amour ».
- ✓ Le mouton arabe à tête noire ou sous race « Rembi de Sidi Aissa ».

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

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



**Figure 15. Béliers (a) et brebis (b) de race Rembi**

(**Djaout et al., 2015**)

Considérée comme la plus lourde race ovine algérienne avec des poids adjacents les 90kg chez le bélier et 60kg chez la brebis. Le Rembi se singularise par sa robe chamoise et sa tête rouge à brunâtre (**AnGR, 2003**).

**Tableau 4. Caractéristiques majeures de la race Rembi (Djaout et al., 2017)**

|                    | <b>Rembi</b>                  |
|--------------------|-------------------------------|
| HG (cm)            | ♂:84,15±4,51<br>♀:77,24±2,87  |
| PV (kg)            | ♂:70-80<br>♀: 50-65           |
| Couleur de la tête | Rousse ou légèrement grisâtre |



|                     |                   |
|---------------------|-------------------|
| Couleur des membres | Rousse            |
| Couleur de laine    | Blanche           |
| Toison              | Semi envahissante |
| Oreilles            | Moyennes          |
| Queue               | Moyenne           |

#### 5.4. Race D'man

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

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

La race D'man (localement le mot D'man veut dire croisé) a un effectif très réduit, actuellement, quelques troupeaux dans la région de Bechar, El- Menia (El-Goléa) et Adrar. De plus, cette race, qui présente un phénotype très proche de la race Sidaou, peut facilement être confondue avec des animaux croisés entre la race Sidaou et une race blanche du Nord, ce constat a été confirmé par une étude réalisée par 22 marqueurs microsatellites (**Gaouar, 2009**).

Actuellement, seules les oasis éloignées des zones urbaines gardent des élevages purs de race D'man dans le Nord de la wilaya d'Adrar (**Boubekeur et Benyoucef., 2012**).

Sur le plan zootechnique la race D'man est caractérisée par des aptitudes reproductives exceptionnelles telles que la prolificité élevée (200%), la précocité sexuelle et la fertilité. La brebis D'man est apte à se reproduire durant toute l'année. **Boubekeur et al. (2015b)**, ont réalisés des agnelages sur les quatre saisons de l'année sur des brebis D'man dans la station INRAA d'Adrar. Les animaux D'man sont capables de profiter des noix de dattes, les éleveurs n'ont remarqué cette caractéristique sur aucune autre race. Ces caractéristiques sont importantes à prendre en considération dans un plan de sélection par introgression entre la

race D'man et la race Ouled Djellal par exemple. Ce qui mettrait en valeur ce sous-produit de la palmeraie et diminuerait le cout de revient de l'alimentation.

Sur un échantillon de 22 éleveurs de la race D'man, **Boubekeur et Benyoucef (2012)** ont conclu que la viande de mouton D'man est de bonne qualité et a un gout sucré à cause de l'utilisation des dattes dans l'alimentation des animaux D'man.

Selon **Djaout et al. (2017)**, les animaux de la race D'man présentent de grandes variabilités morphologiques. L'animal D'man est de petite taille et d'un squelette fin ; à tête fine, étroite, à profil busqué, on note l'absence des cornes chez les deux sexes, néanmoins les agneaux mâles naissent avec des ébauches qui tombent à l'âge de 3 mois, un cou long et mince où l'absence de pendeloques, la présence d'une tâche blanche sur le front des animaux avec et la queue longue à bout blanc sont les caractères dominants chez la race D'man.

- ❖ Variétés de la race D'man :
- ✓ Tous les types de pigmentations sont admis toutefois les plus répétés sont :
- ✓ Le type multicolore : cette variété présente plusieurs combinaisons de couleurs (noire, brune, blanche et rousse).
- ✓ Le type acajou ou brun (d'Adrar) : La tête, les membres et la toison sont de couleur acajou foncé. La laine présente des reflets acajou plus au moins prononcés.
- ✓ Le type noir (de Béchar) : La tête, les membres et la toison sont de couleur noire, la queue et les membres sont noirs avec des extrémités blanches au niveau de la queue.



**Figure 16. Antenaises D'man à Adrar  
(Boubekeur, 2015)**



**Figure 17. Bélière D'man à l'ITELV de  
Saïda  
(Chekkal, 2013)**

### 5.5. Race Barbarine

Cette race se ressemble à la race Barbarine tunisienne et se propage à travers l'Est du pays, de l'oasis de l'Oued Souf à la frontière de la Tunisie.

Elle est appelée race d'Oued Souf (nommée "Guebliya") dans cette région présente actuellement des effectifs qui sont influencés par le développement de la race Ouled-Djellal dans cette région. Elle résiste à la chaleur et à la sécheresse et montre une très bonne adaptation aux parcours sablonneux du Sahara (**Baatouche et al., 2019**)

C'est un mouton de bonne conformation. La couleur de la laine est blanche avec une tête et des pattes qui peuvent être brunes ou noires (**Chellig, 1992**). La toison couvre tout le corps sauf la tête et les pattes, les cornes sont développées chez le mâle et absentes chez la femelle, les oreilles sont moyennes et tombantes, le profil est busqué (**Chellig, 1992**) et la queue est grasse d'où la dénomination de mouton à queue grasse. Cette réserve de graisse rend l'animal rustique en période de disette dans les zones sableuses (**Feliachi et al., 2003**), ses gros sabots en font un excellent marcheur dans les dunes du Souf (El Oued) en particulier.



**Figure 18. Bélier de race Barbarine**

**(Djaout, 2015)**

Selon **Djaout et al. (2017)**, il existe à l'intérieur de cette race deux groupes :

- Type à toison fermée semi-envahissante (c'est le type original), c'est le type trouvé dans la région de Taleb El-Arbi (Oued Souf). Ces animaux de petite taille ont la laine blanche, la tête et les membres peuvent être blancs, bruns, noirs ou pigmentés. Les cornes sont développées chez le mâle alors que quelques femelles ont des cornes courtes et orientées vers l'arrière. Les oreilles sont petites et semi-horizontales (**Figure 19**).
- Type à toison ouverte à mèches longues et pointues (influence orientale), élevé dans l'ITELV de Saïda. Ces animaux de taille moyenne sont longilignes avec une laine presque envahissante qui couvre tout le corps. La tête et les membres sont blanches (**Figure 20**), légèrement marron ou noirs. Ce type présente une queue demi- grasse.



**Figure 19. Brebis Barbarine aux Sahara de Oued Souf (Djaout, 2014)**



**Figure 20. Bélier Barbarine à l'ITELV Saïda (Djaout, 2015)**

Les caractéristiques de la race Barbarine sont rapportées dans le tableau 6

**Tableau 5. Caractéristiques majeures de la race Barbarine (Djaout *et al.*, 2017).**

|                            | <b>Barbarine</b>         |
|----------------------------|--------------------------|
| <b>HG (cm)</b>             | ♂ :<br>♀:62,08±4,08      |
| <b>PV (kg)</b>             |                          |
| <b>Couleur de la tête</b>  | Blanche, marron ou noire |
| <b>Couleur des membres</b> |                          |
| <b>Couleur de laine</b>    | Blanche                  |
| <b>Toison</b>              | Semi envahissante        |
| <b>Oreilles</b>            | Moyennes                 |
| <b>Queue</b>               | Moyenne                  |

### 5.6. Race Berbère

La race Berbère est la race ovine primitive et la plus ancienne des races ovines au Maghreb. Elle est dite "Berbère à laine azoulaï". C'est une petite race rustique, adaptée aux pâturages

pauvres et élevée dans les montagnes de la Kabylie en Algérie. (**Sagne, 1950**) a rapporté que le document d'Herodotus a révélé la présence de cette race en Kabylie, 3000 ans JC.

Ce mouton de petite taille est semblable à la race Hamra, la différence majeure étant la laine mécheuse de la race berbère. Les poids adultes sont d'environ 30kg chez la femelle et 45 kg chez le mâle. Elle est un peu dure. Les gigots sont longs et plats et leur développement est réduit. C'est une bête très rustique, supporte les grands froids de montagnes et utilise très bien les pâturages broussailleux de montagne (**Chellig, 1992**).

Selon la bibliographie, l'aire de répartition de la race Berbère est la chaîne montagneuse du Nord de l'Algérie (Souk Ahras, Maghnia, Tlemcen, Jijel (Collo), Edough, Ouarsenis, et les montagnes de Tiaret (**Chellig, 1992**). Mais selon **Djaout et al. (2017)**, cette race est absente dans la région montagneuse de Jijel et les montagnes de Tiaret et ce fait remplacée par la race Ouled Djellal et Hamra. La disparition de cette race est aussi due à la disparition de la tradition de fabrication du burnous qui nécessite en partie la laine azoulai pour sa conception.

**Tableau 6. Caractéristiques majeures de la race Berbère (Djaout et al., 2017).**

|                            | <b>Berbère</b>                |
|----------------------------|-------------------------------|
| <b>HG (cm)</b>             | ♂ :68,82±3,58<br>♀:66,66±3,35 |
| <b>PV (kg)</b>             | ♂:45-50<br>♀:35-40            |
| <b>Couleur de la tête</b>  | Blanche, marron ou noire      |
| <b>Couleur des membres</b> |                               |
| <b>Couleur de laine</b>    | Blanche                       |
| <b>Toison</b>              | Semi envahissante             |
| <b>Oreilles</b>            | Moyennes                      |
| <b>Queue</b>               | Moyenne                       |

### 5.7. Race Sordi, Sardi ou Srandi

La race Sreti avec son homologue Sardi du Maroc, la race Ripollesa de l'Espagne et la race française Causses-du-Lot, existe sur le territoire algérien, avec un effectif assez important dans les régions à proximité des frontières algéro-marocaines, son origine n'est pas vraiment

définie. Cette race est très convoitée par les éleveurs et les citoyens dans cette région particulièrement au moment de l'Aïd al- Adha. Elle présente une tête blanche dépourvue de laine avec des tâches noires autour des yeux, du museau des extrémités des oreilles, des pattes et au niveau des articulations (genoux et jarrets) (**Djaout et al., 2017**).

Ce phénotype lui confère l'appellation de « race à lunettes ». (**Chikhi et Boujenane, 2005**) Le chanfrein est légèrement busqué chez le mâle, rectiligne chez la femelle. Les cornes absenceent chez la femelle et présentent chez le mâle mais avec une taille moins importante de celles de la race Sardi du Maroc. La laine est fermée à semi fermée. La hauteur au garrot de ces animaux varie de 70cm à 80cm avec un poids corporel de 50 à 70Kg. La queue des animaux est moyenne ou courtes c'est le principal caractère qui différencie entre la Sreti de l'Algérie et celle du Maroc où cette dernière a une queue longue (**Boujenane, 1999 ; Boukhliq, 2002 ; MADRPM/DERD, 2007, Chikhi et Boujenane 2005**). Il existe trois variétés :

- Des animaux qui ont des lunettes noires et des tâches noires autour du museau et des extrémités des oreilles et des pattes (c'est le type même du Maroc (**MADRPM/DERD, 2007**) avec une queue moyenne ou courte) (**Figure 21**).
- Des animaux qui ont les mêmes caractères que la première variété sauf que la couleur des tâches est marron (**Figure 22**). Selon **Boukhliq (2002)**, ces tâches de couleur marron sont considérées comme des caractères éliminatoires pour la race Sardi marocaine.
- Des animaux qui ont des tâches noires étendues autour des yeux (**Figure 23**), ces tâches couvrent presque la totalité de la tête, avec des pigmentations noires autour des extrémités des oreilles et des pattes (**Djaout et al., 2017**).





**Figure 21. Bélier Srandi avec des pigmentations noires à Nâama (Chekal, 2015)**



**Figure 22. Antenais Srandi avec des pigmentations marrons à Mechria (Nâama) (Djaout et Rabhi, 2015).**



**Figure 23. Antenais Srandi avec des pigmentations irrégulières dans la région de Tlemcen (Djaout et Rabhi, 2015).**

### 5.8. Race Bleue de la Kabylie ou Tazegzawt

Cette race présente un effectif très réduit (qui ne compte actuellement que quelques dizaines) avec une taille des troupeaux très limitée, sa répartition géographique est concentrée sur un petit territoire compris entre Akbou et Bouzeguène. Par ailleurs, le système d'élevage prédominant actuellement au niveau des exploitations enquêtées est la polyculture-élevage. Ce type génétique est parfaitement adapté aux zones montagneuses de la région de la Kabylie, il présente certains caractères morphologiques très spécifiques, en plus de ses remarquables aptitudes zootechniques, notamment une bonne vitesse de croissance, une bonne aptitude laitière ainsi qu'un bon rendement reproductif (El-Bouyahyaoui *et al.*, 2015).

Au niveau de la région de Mechria (Nâama) où les éleveurs donnent le nom "Ham" à cette race qui signifie la couleur bleue (Figure 25). Cette race existe chez plusieurs éleveurs (au moins 400 animaux).

Il existe aussi une variété de la race Tazegzawt qui est dite "Chakhma", c'est une variété qui a la combinaison de trois couleurs (blanc, marron et noire ou bleu) au niveau de la peau (tête et pattes) et de la laine (Figure 26).

- Alors que dans la région de Tlemcen, les éleveurs pensent que c'est une variété de la race Sardi ou Sreti. Elle est présente à de faibles effectifs (3 à 5 têtes) chez quelques éleveurs.



Tableau 7. Caractéristiques majeures de la race Tazegzawt (Djaout *et al.*, 2017).

|                            | <b>Tazegzawt</b>                  |
|----------------------------|-----------------------------------|
| <b>HG (cm)</b>             | ♂:87,11±5,47<br>♀:79,39±4,31      |
| <b>PV (kg)</b>             | ♂:80 à 90<br>♀: 50 à 60           |
| <b>Couleur de la tête</b>  | Blanche à tache noire<br>bleuâtre |
| <b>Couleur des membres</b> |                                   |
| <b>Couleur de laine</b>    | Blanche                           |
| <b>Toison</b>              | Semi envahissante                 |
| <b>Oreilles</b>            | Moyennes                          |
| <b>Queue</b>               | Moyenne                           |



**Figure 24. Brebis Tazegzawt à Béjaia**  
(El-Bouyahiaoui, 2015)



**Figure 25. Bélier Tazegzawt à Mechria (Nâama)**  
(Djaout et Rabhi, 2015)



**Figure 26. Brebis Chakhma à Mechria (Nâama)**  
(Djaout et Rabhi, 2015)

### 5.9. Race Sidaou

Cette race s'appelle aussi Targuia parce qu'elle est élevée par les Touaregs qui vivent au Sahara entre le Fezzan en Lybie-Niger et le sud algérien au Hoggar-Tassili. Il semble que l'origine de la race Targuia soit le Soudan (le Sahel). Elle avait un effectif qui était estimé à 25.000 têtes (**Chellig, 1992**). Selon **Djaout et al. (2017)**, cette race son effectif connaît un accroissement considérable en raison de l'extension de son aire de répartition au niveau de tout le Sahara, il peut être estimé à plus de 1 million de têtes. Elle occupe la quasi-totalité du Sud Algérien et durant notre enquête on a trouvé quelques têtes de Sidaou dans la région de Laghouat.

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

Le mouton Sidaou ressemble à une chèvre sauf qu'il a une queue longue et un bêlement de mouton.

- Son corps est de couleur noire, paille clair, blanc ou présentant un mélange de deux couleurs avec des variétés dans la répartition des tâches.

- Les cornes chez le mâle sont soit absentes, soit se présentent sous forme courbée et de petite taille.

- La queue est mince, très longue presque au ras du sol, et elle présente une extrémité blanche.



**Figure 27. Bélier Sidaou à Djanet  
(Illizi)  
(Chekal, 2015)**



**Figure 28. Brebis Sidaou à Laghouat  
(Djaout, 2013)**

### 5.10. Race Taâdmit

La race Taâdmit a été remplacée par la race Ouled Djellal dans son berceau, elle a pour origine génétique un croisement entre le Mérinos de l'Est et une race autochtone de la région de Djelfa (**Jore d'Arce, 1947 ; Sagne, 1950**). Ce croisement a été entrepris dès les années 1860 à la station expérimentale de Taâdmit, d'où son appellation. Ce croisement avait comme objectif principal l'amélioration des aptitudes lainières de la race Ouled Djellal (**Chellig, 1992**). La race Taâdmit qui était exploitée dans la région centre de la steppe algérienne ne présente actuellement que quelques centaines d'animaux au niveau de la wilaya de Djelfa surtout au niveau de la région de Taâdmit et un noyau de troupeau au niveau de la Station de recherche INRAA de Hmadna (wilaya de Relizane) (**Djaout et al, 2017**).

Elle est créée dans un but d'améliorer la production de la laine, il n'en est rien actuellement ; probablement à cause de la forte consanguinité qui sévit au sein du troupeau. Cette race se caractérise par une tête blanche avec un profil busqué et des cornes volumineuses chez le

mâle, un corps long. L'animal est haut sur pattes, la toison est étendue, recouvrant le front et descendant jusqu'aux jarrets et parfois jusqu'aux genoux. La laine est superfine à fine. La queue est longue (**Djaout et al, 2017**).



**Figure 29. Bélier Taâdmit à Djelfa (Taâdmit)**  
**(Gaouar, 2003)**

### **5.11. Race Darâa ou Noire**

Cette race existe dans tout le territoire algérien mais à de faibles effectifs, elle se trouve dans les troupeaux avec les autres races.

Selon **Djaout et al. (2017)**, elle est caractérisée par une tête et des membres entièrement noirs (d'où son nom Darâa) avec une laine fermée ou semi fermée de couleur marron. La laine de cette race est utilisée pour la fabrication du Bernousse. La tête est courte et fine, le chanfrein est rectiligne, les membres sont fins, la queue est moyenne ou longues, les cornes sont absentes chez les femelles mais elles peuvent exister chez les mâles.

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



**Figure 30. Brebis Darâa dans la région de Tlemcen**

**(Rabhi, 2015)**

### **5.12. Race Ifilène**

Selon **Djaout et al. (2017)**, la « race » Ifilène est originaire du Mali, du Niger et du Nigeria (Race Uda) (**Figure 31**), elle est exploitée essentiellement par la population Touareg. Cette race est haute sur pattes et elle se caractérise par un chanfrein busqué chez les deux sexes, des oreilles longues et tombantes contrairement à la Sidaou qui a des oreilles courtes, un corps longiligne, de couleur blanche noire ou marron et parfois un mélange de deux couleurs. L'animal est haut sur pattes avec des membres longs, une queue moyenne, le bélier a des cornes très volumineuses enroulées en spirale et les brebis sont mottes.

C'est une race à poils, sa viande est appréciée par les éleveurs contrairement à la viande de la race Sidaou et D'man.

#### **❖ Les variétés de la « race » Ifilène :**

Nous avons remarqué deux types de cette race selon la couleur du corps :

- ✓ Unicolore (blanche, marron ou noire)
- ✓ Bicolore (noire et blanche ou marron et blanc)



**Figure 31. Bélier de la race Ifilène à  
Djanet (Illizi)  
(Chekkal, 2015)**

# *Partie Expérimental*

## **Partie expérimentale**

### **1. Matériel et Méthodes**

#### **1.1. Caractérisation phénotypique**

##### **1.1.1. Zone d'étude**

Afin d'étudier la caractérisation morphométrique de quatre populations ovines Algériennes qui sont D'man d'Adrar, D'man Saoura, Tazegzawt et EL Ham.

L'étude a été effectuée :

Pour les deux populations D'man Adrar et D'man Saoura à la station expérimentale d'Adrar de l'Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie, située à environ 5 km au sud-ouest du chef-lieu de cette wilaya à la latitude 27° 49 N et la longitude 0° 11 E, et à l'altitude de 279 m. Elle est localisée dans l'étage bioclimatique hyperaride avec une pluviométrie de moins de 50 mm par an. D'autre part dans l'Institut Technique du Développement de l'Agronomie Saharienne (ITDAS), située dans la plaine de mise en valeur d'ABADLA, la F.D.P.S couvre une superficie de 50 ha. Elle est irriguée comme l'ensemble de périmètre par les eaux du barrage de DJORF TORBA à la latitude 31°,43 N, la longitude 02° ,80 Et à l'altitude de --- m durant la période 2019.

Pour les deux populations Tazegzawt et EL Ham, notre travail a été réalisé au niveau de deux wilayas de l'ouest algérien: la wilaya de Tlemcen (Maghnia, Ain Nahalla et El Aricha) et la wilaya de Naama (Ain Ben khilil, Mechriya, ElByodh, Mekmen Ben Amar et El Kasdir) pour la population « EL Ham » au cours de l'année 2019/2020. A partir de quatre wilayas de l'Est algérien (Tizi-Ouzou, Bejaia, Biskra et Souk Ahras) des échantillons de la population Tazegzawt ont été collectés au cours de l'année 2014/2015 par El Bouyahyaoui.



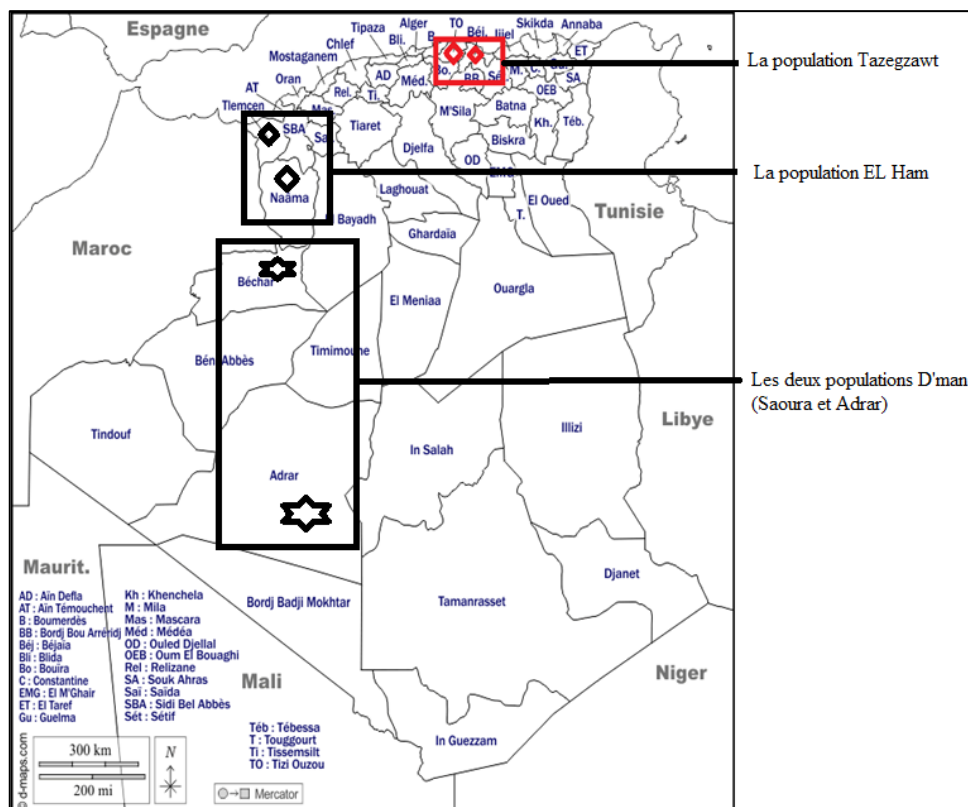


Figure 32. Représentation des régions d'étude

### 1.1.2. Animaux étudiés

#### 1.1.2.1. Choix des animaux

L'étude a porté sur la description phénotypique de :

66 ovins de la race D'man dont 29 ovins D'man d'Adrar (22 femelles et 7 Mâles) et 37 ovins de D'man Saoura (24 femelles et 13 Mâles) âgés de plus d'un an par l'utilisation des mensurations corporelles au niveau de deux wilayas sahariennes Béchar et Adrar (Tableau 8).

Tableau 8. Récapitulatif de la répartition des échantillons par population et par sexe

| Etude phénotypique |           |           |           |            |
|--------------------|-----------|-----------|-----------|------------|
| Population         | Femelles  | Mâles     | Total     | % Mâles    |
| D'man Adrar        | 22        | 7         | 29        | 24%        |
| D'man Saoura       | 24        | 13        | 37        | 35%        |
| <b>Total</b>       | <b>46</b> | <b>20</b> | <b>66</b> | <b>29%</b> |



**Figure 33. La population de D'man Saoura  
(ITDAS Abadla) (Photo originale)**



**Figure 34. La population de D'man Adrar  
(INRA d'Adrar) (Photo originale)**

Et 74 ovins dont 25 ovins adultes de la population Tazegzawt (15 mâles et 10 femelles) issus de deux wilayas (Béjaïa et Tizi-Ouzou) et 49 ovins adultes de la population EL Ham (13 mâles et 36 femelles) au niveau de la wilaya de Tlemcen et la wilaya de Naama (Tableau9).

**Tableau 9. Récapitulatif de la répartition des échantillons par race et par sexe**

| Etude phénotypique |          |       |       |         |
|--------------------|----------|-------|-------|---------|
| Population         | Femelles | Mâles | Total | % Mâles |
|                    |          |       |       |         |

|              |    |    |    |     |
|--------------|----|----|----|-----|
| Tazegzawt    | 10 | 15 | 25 | 60% |
| EL Ham       | 36 | 13 | 49 | 26% |
| <b>Total</b> | 46 | 28 | 74 | 38% |



**Figure 35. La population Tazegzawt**  
(El Bouyahyaoui *et al.*, 2015).



**Figure 36. La population EL Ham**

(Photos originaux).

### 1.1.3. Variables étudiées

Les différentes mensurations corporelles ont été mesurées par le même opérateur la matinée.

✚ Pour les deux populations D'man :

*Les variables quantitatives étudiées sont*

16 mesures ont été utilisées pour chaque animal : Longueur scapulo-ischiale (LSI) ou longueur du corps, hauteur au garrot (HG), hauteur au dos (HD), hauteur au sacrum (HS), profondeur de poitrine ou hauteur de poitrine (HP), tour droit de poitrine (TP), largeur aux épaules (LE), largeur aux hanches (LH) ou largeur du bassin, largeur aux trochanters (Ltro), largeur aux ischiums (Lisch), longueur du bassin (LB), longueur de la tête (TL), largeur de la tête (tla), longueur de l'oreille (OL), largeur de l'oreille (ola), périmètre du canon (Pc). Une toise à double potence et un ruban métrique ont été utilisés pour les mensurations corporelles (Tableau 11).

Et les variables qualitatives étudiées sont :

La couleur de la tête, la couleur des pattes, la couleur de la peau, la couleur de la laine, le type de toison, la présence ou l'absence des cornes et les pendeloques, le type de port des oreilles et le type de la queue.

### 1.1.3.. Indices zootechniques

A partir de toutes les mesures corporelles utilisées, 07 indices zootechniques ont été calculés selon les travaux de **Miller et al. (1964)**, **Chacon et al. (2011)**, **Djaout et al. (2015)**, **Djaout et al. (2018a, b)** et **El Bouyahiaoui et al. (2021)**. Le calcul et l'analyse des différents indices zootechniques permettent de classer l'ethnologie de la population D'man Adrar et population D'man Saoura étudiées (Tableau 10)

**Tableau 10. Les différents indices zootechniques étudiés**

| Particulière       | Indices                            | Calcul |
|--------------------|------------------------------------|--------|
| Forme de la tête   | Indice céphalique (CI)             | tla/tL |
| Format de l'animal | Indice corporel (BI)               | LSI/TP |
|                    | Indice de la longueur (LI)         | LSI/HG |
|                    | profondeur du thorax relative (DT) | HP/HG  |

|           |                                 |             |
|-----------|---------------------------------|-------------|
|           | Indice la largeur (WS)          | LH/LE       |
|           | Développement thoracique (TD)   | TP/HG       |
| Squelette | Indice dactylo-thoracique (DTI) | (Pc/TP)*100 |

*Longueur scapulo-ischiale (LSI), Hauteur au garrot (HG), Tour de poitrine (TP), Profondeur poitrine (HP), Largeur aux épaules (LE),*

*Largeur des hanche (LH), Longueur de la tête (TL), Largeur de la tête (tla) et périmètre du Cannon (Pc).*

Les index céphalique, thoracique, pelvien et corporel donnent des informations générales sur les caractéristiques de la race en termes de description de la structure de l'animal et ses proportions. Les autres index sont fonctionnels, fournissant des informations sur les performances de l'animal (type, forme physique et production, **(Esquelzeta et al., 2011)**).

**✚ Pour les deux populations Tazegzawt et EL Ham :**

L'étude a été réalisée par 12 variable quantitatifs. Les mensurations étudiées sont : Hauteur au garrot (HG) ; longueur scapulo-ischiale (LSI); Tour de poitrine (TP); profondeur de poitrine (HP); largeur des épaules (LE); longueur du bassin (LB); Largeur du trochanter (Ltro) ; Longueur de la tête (TL); Largeur de tête (tla); Longueur d'oreille (oL); Largeur d'oreille (ol) et périmètre du canon (PC) (tableau 11).

Et pour les variables qualitatifs sont :

La couleur de la tête ; la couleur de la peau ; couleur du jarret ; couleur du genou et du paturon. Le type de toison et la présence ou l'absence de cornes et de pendeloques. La forme de l'oreille et la présence ou l'absence de taches bleues à la langue et le profil céphalique.

**Tableau 11. Les mensurations corporelles étudiées**

| <b>Mensuration</b>                                   | <b>Définition</b>   |
|--|---|
| Longueur scapulo-ischiale (LSI) ou longueur du corps | Distance comprise entre la pointe de l'épaule et la pointe de l'ischium |
| Hauteur au garrot (HG)                               | Distance entre le sol et le point le plus haut du garrot                |
| Hauteur au dos (HD)                                  | Distance entre le sol et le milieu du dos                               |
| Hauteur au sacrum (HS)                               | Distance entre le sol et la croupe                                      |
| Profondeur de poitrine ou Hauteur de poitrine (HP)   | Distance verticale entre la pointe du garrot et le sternum              |
| Tour droit 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 épaules (LE)                      | Distance entre les deux pointes des épaules  |
| Largeur aux hanches (LH) ou Largeur du bassin | Distance entre les ilions  |
| Largeur aux trochanters (Ltro)                | Distance qui sépare les deux trochanters (articulation coxo-fémorale)                    |
| Largeur aux ischiurs (LIsch)                  | Distance qui sépare les deux ischiurs  |
| Longueur du bassin (LB)                       | Distance de la pointe de la hanche à la pointe de l'ischion ou la distance iléo-ischiale |
| Longueur de la tête (TL)                      | Distance entre le sommet du front et la bouche   |
| Largeur de la tête (tla)                      | Distance maximale entre les deux os zygomatiques   |
| Longueur de l'oreille (OL)                    | Distance de la base à la pointe de l'oreille droite tout au long de la surface dorsale   |
| Largeur de l'oreille (ola)                    | Distance entre les deux bords latéraux de l'oreille droite au milieu                     |
| Périmètre du canon (Pc)                       | Périmètre de la limite inférieure du 1/3 supérieur de l'os canon antérieur droit         |

La figure 37 représente les différentes mensurations effectuées.

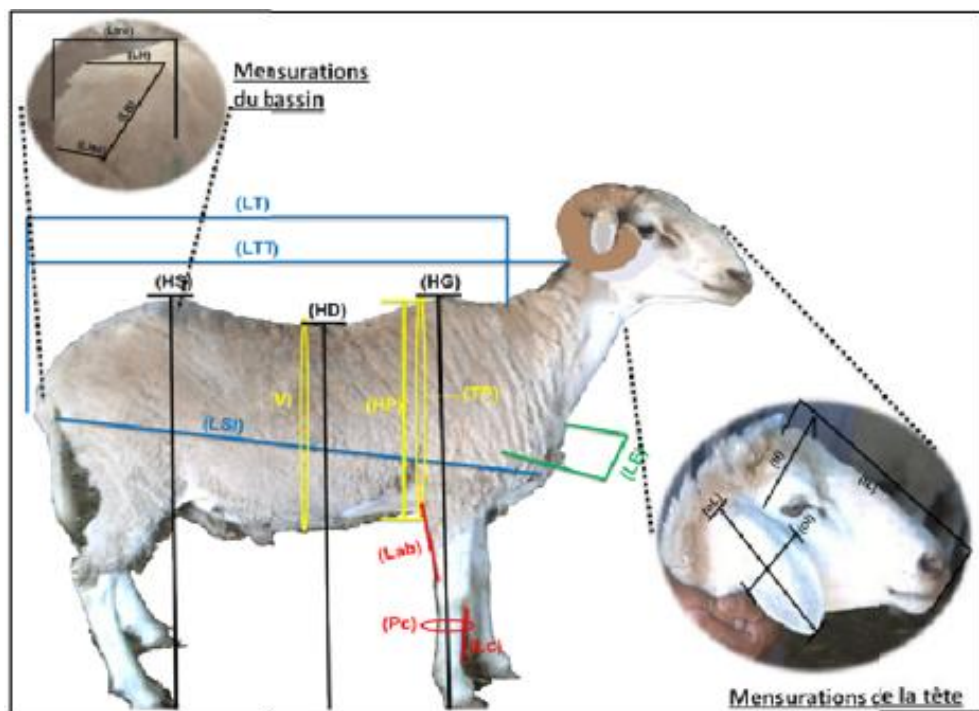


Figure 37. Les différentes mensurations corporelles effectuées

Ces mesures réalisées pour la caractérisation phénotypique s'inspirent des travaux sur la population ovine à travers le monde, notamment ceux de **Harkat et al. (2015)**; **Moula (2015)**; **El-Bouyahaoui. (2015)**; **Belharfi et al. (2017)** et **Djaout et al. (2017)** et autres espèces animale : chèvre (**Rout et al., 2000** ; **Fantazi et al., 2017** ; **Belanater et al., 2018** ; **Belkhadem et al., 2019**) ; équidés (**Kefena et al., 2012** ; **Benhamadi et al., 2016** ), bovins (**Yilmaz et al., 2012**) ; caméline (**Adamou et al., 2013** ; **Cherifi et al., 2013** ; **Bedhief-Romdhani et al., 2014**, **Kahouadji, 2016**), porcine (**FAO, 2013**) et aviaire (**Melesse et Negesse, 2011** ; **Mahami, 2015**).

#### 1.1.4. Analyses statistiques des caractères quantitatifs et qualitatifs

Les mensurations corporelles ont été analysées selon le logiciel SPSS version 26.

- L'effet du sexe a été comparé par le test de comparaison multiple de Student.
- L'effet de la région et de sexe a été comparé par le test d'ANOVA à 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 ovins 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 qualitatifs afin de présenter des caractéristiques qualitatifs communes.
- Enfin, pour obtenir le nombre optimal de groupes, une classification hiérarchique ascendante (CHA) a été utilisée.

## 1.2. Caractérisation génétique

### 1.2.1. Echantillonnage des populations

Des échantillons de sang ont été prélevés sur des animaux adultes mais surtout non apparentés à partir de la veine jugulaire de la matière animale à l'aide d'un tube Vacutainer contenant de l'acide tri-potassium éthylène diamine tétra-acétique (K3EDTA), ce produit permet la conservation des acides nucléiques du sang pour une longue durée. Le sang collecté a été stocké à -20°C jusqu'à l'analyse. Des informations sur l'origine géographique, l'âge, le sexe et la race ont été obtenues de chaque animal.

### 1.2.2. Caractérisation moléculaire par les microsatellites

#### 1.2.2.1. Zone d'étude

Notre étude a été effectuée sur 49 échantillons, dans plusieurs wilayas qui sont : Adrar, Bechar, Bejaïa, Biskra, Naama et Souk Ahras (Figure 38).

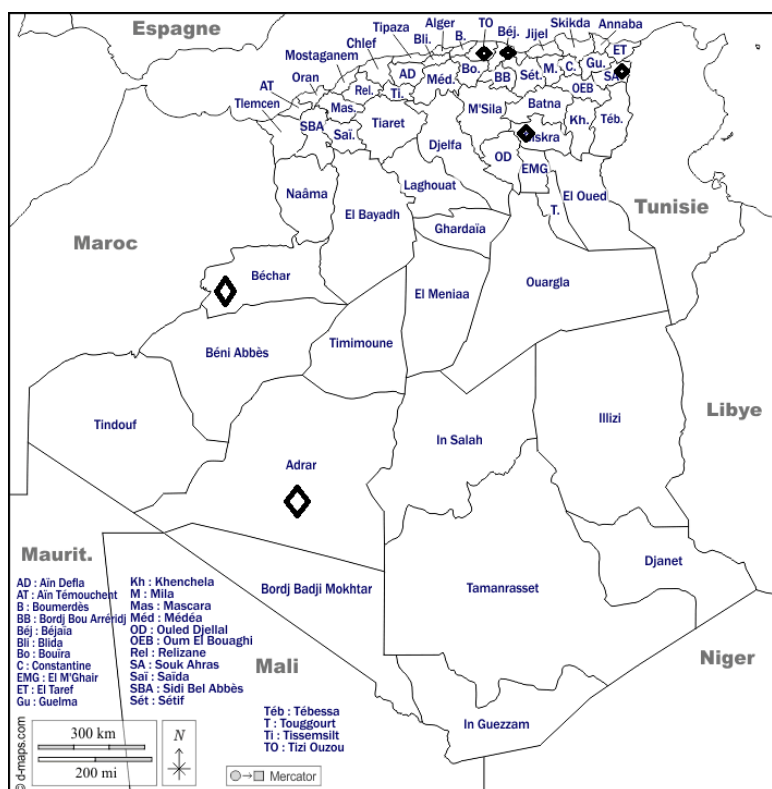


Figure 38. Représentation des régions de l'étude moléculaire par les microsatellites



### 1.2.2.2. Populations d'étude

Des prélèvements sanguins ont été effectués sur 05 animaux non apparentés de la population D'man Adrar et 14 individus de la population D'man Saoura, 25 individus de la population Tazegzawt et 05 individus de la population EL Ham (Tableau 12).

**Tableau 12. La répartition des échantillons de la population ovine étudiée selon la région**

| <b>Etude moléculaire</b> |               |                 |
|--------------------------|---------------|-----------------|
| <b>Population</b>        | <b>Wilaya</b> | <b>Effectif</b> |
| <b>D'man Adrar</b>       | Adrar         | 05              |
| <b>D'man Saoura</b>      | Bechar        | 14              |
| <b>Tazegzawt</b>         | Bejaïa        | 24              |
|                          | Biskra        | 01              |
| <b>EL Ham</b>            | Naama         | 04              |
|                          | Souk Ahras    | 01              |
| <b>Total</b>             |               | <b>49</b>       |

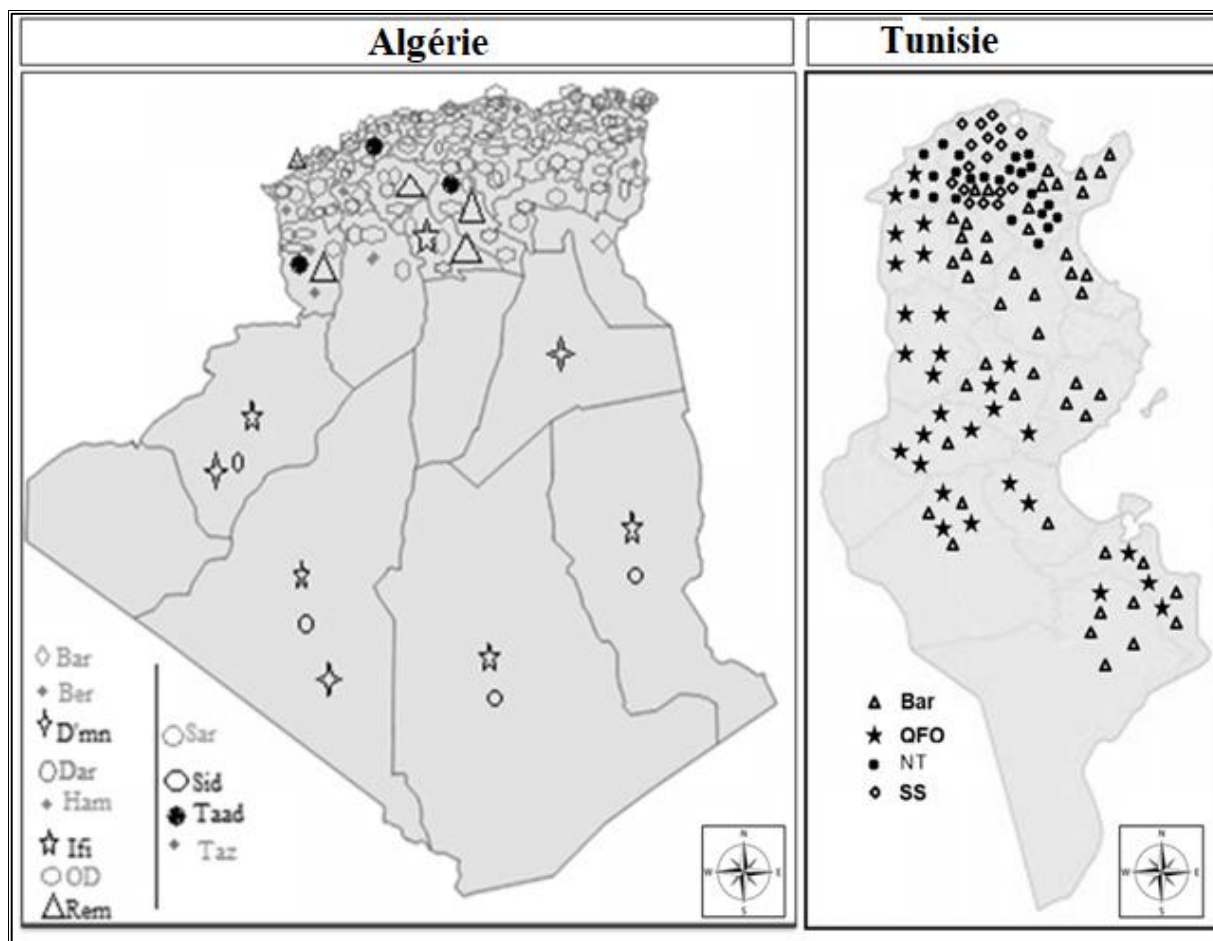
### **1.2.3. Analyse des variations d'insertion/délétion (InDel) dans le gène ovine IRF2BP2 : cas des races ovines Maghrébines et une race Iranienne**

#### **1.2.3.1. Zone d'étude**

Les données recueillies ont été enregistrées lors d'une enquête de terrain basée sur des troupeaux de différentes tailles.

Les informations sur la répartition géographique de l'échantillonnage en Algérie et en Tunisie sont présentées dans la figure supplémentaire (39) et la répartition de la race ovine Mehraban était dans la partie occidentale de l'Iran.

Cette enquête a été assurée grâce à des contacts avec différentes directions des services agricoles (DSA), les instituts techniques des élevages (ITELv), l'institut technique du développement de l'agriculture saharienne (ITDAS), la direction des conservations des forêts et les éleveurs, les instituts nationaux de la recherche agronomiques (INRAA). L'identification raciale (avec prise de photos) a été faite à la base de certains critères phénotypiques, et les tubes sont identifiés selon : race, sexe, région et date de prélèvement.



**Figure 39. Répartition des troupeaux échantillonnés de seize races ovines**

Algérie (Bar : Barbarine, Ber : Berbère, D'mn : D'man, Dar : Darâa, Ham : Hamra, Ifi : Ifilène, OD : Ouled Djellal, Rem : Rembi, Sar : Sardi, Sid : Sidaou, Taad : Tâadmit, Taz : Tazegzawt), Tunisie (Bar : Barbarine, QFO : Queue Fine de l'Ouest, NT : Noire de Thibar et SS : Sicilo Sarde).

### 1.2.3.2. Animaux étudiés

Un total de 906 échantillons réalisés appartenant à 12 races ovines Algériennes, 4 races Tunisiennes et une race Iranienne.

En Algérie, des échantillons de sang ont été prélevés au hasard pour douze races ovines entre les années 1999 et 2019 : Sidaou (n= 72), Hamra (n= 73), Sardi (n= 11), Ifilène (n= 9), Darâa (n = 8), Ouled Djellal (n= 33), Tâadmit (n= 54), D'man (dont 23 D'man Adrar et 23 D'man Saoura) (n= 46), Tazegzawt (n= 24), Barbarine (n= 37), Rembi (n= 95), Berbère (n= 26). En Tunisie, un échantillonnage a été réalisé entre les années 2010 et 2014 sur des ovins appartenant à Barbarine (n= 272), Queue Fine de l'Ouest (n= 25), Noire de Thibar (n= 23) et

Sicilo Sarde (n= 22), des échantillons Mehraban (n = 76) d'Iran ont été prélevés au hasard entre 2008 et 2016 comme déjà décrit (Talebi *et al.*, 2018).

Les figures 40, 41 et 42 montrent l'image d'animaux représentatifs pour chaque race. Comme indiqué dans le tableau 14.

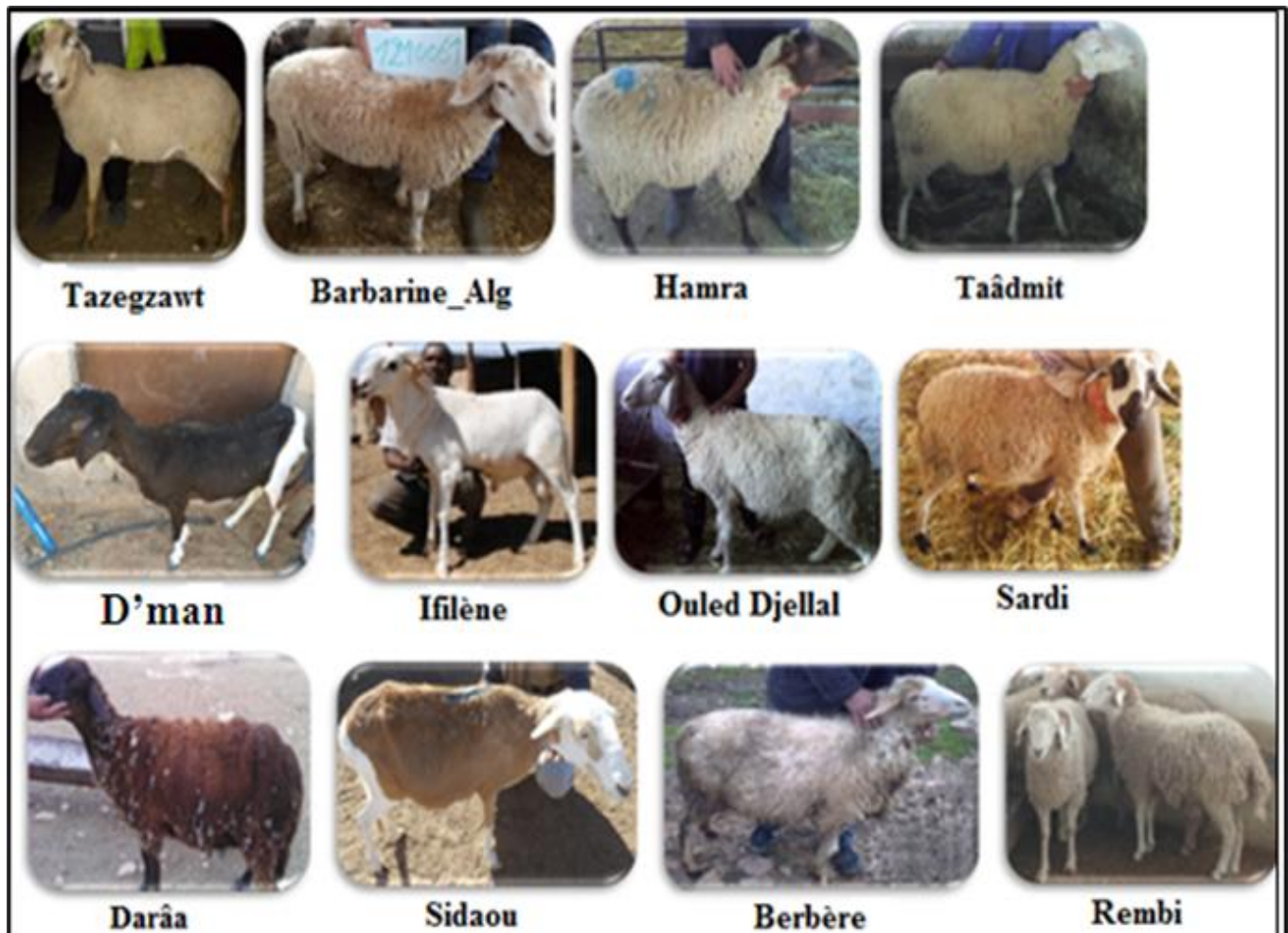


Figure 40. Photos des races ovines étudiées en Algérie

(Photos originaux)



Figure 41. Photos des races ovines étudiées en Tunisie



(Kdidi,2017)



Figure 42. Photos des races ovines étudiées en Iran

(Talebi *et al.*, 2018)

✓ **Le type de toison**

Le type de toison a été caractérisé comme laineux ou poilu comme le montre la figure 43 et rapporté pour toutes les races étudiées dans le tableau 13.



Figure 43. Variation du type de toison observée chez les races algériennes

(a, b) La race Sidaou : Animal à toison poilue. (c,d) La race Ouled Djellal : Animal à toison laineuse.

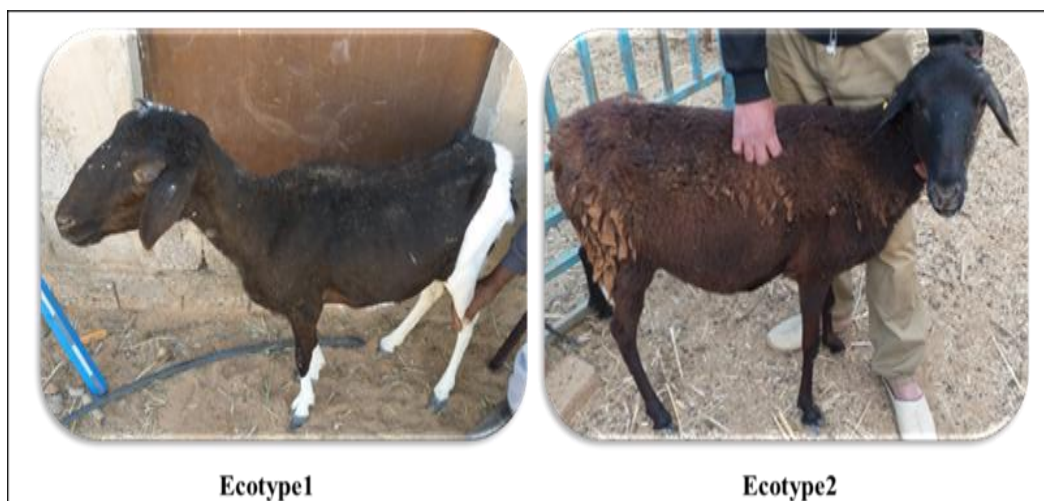
Les informations et les caractéristiques des races étudiées sont rapportées dans le tableau 13.

Tableau 13. Caractéristiques et informations des races ovines étudiées

| Race   | Pays                       | distribution géographique           | Production   | Type de queue | type de toison observé | Selon la FAO |
|--|----------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|------------------------|--------------|
| Barbarine_ Alg                                       | Algérie                    | Steppe et le nord du Sahara         | Viande       | Grasse        | Laine                  |              |
| Berbère  |                            | Montagne                            | Viande       | Longue        | Laine                  | Laine        |
| D'man_ Alg:<br>1. Ecotype Adrar<br>2. Ecotype Saoura |                            | Oasis                               | Viande       | Longue        | Laine/Poil             | Laine        |
| Darâa  |                            | Steppe                              | Viande       | Longue        | Laine                  |              |
| Hamra  |                            | Steppe                              | Viande       | Longue        | Laine                  | Laine        |
| Ifilène  |                            | Desert                              | Viande       | Longue        | Poil                   |              |
| Ouled Djellal  |                            | Steppe du nord et le nord du Sahara | Viande       | Longue        | Laine                  | Laine        |
| Rembi  |                            | Steppe                              | Viande       | Longue        | Laine                  | Laine        |
| Sardi  |                            | Montagne                            | Viande       | Longue        | Laine                  |              |
| Sidaou   |                            | Desert                              | Viande       | Longue        | Poil                   | Poil         |
| Tâadmit  |                            | Steppe                              | Viande       | Longue        | Laine                  | Laine        |
| Tazegzawt  |                            | Montagne                            | Viande       | Longue        | Laine                  |              |
| Barbarine_Tun  |                            | Tunisie                             | Tout le pays | Viande        | Grasse                 | Laine        |
| Noire Thibar   | Nord                       |                                     | Viande       | Longue        | Laine                  | Laine        |
| Queue Fine de l'Ouest                                | Tout le pays sauf le desrt |                                     | Viande       | Longue        | Laine                  |              |
| Sicilo Sarde   | Nord Ouest                 |                                     | Lait         | Longue        | Laine                  | Laine        |

Des échantillons appartenant aux deux écotypes de D'man ont été pris en compte dans la présente étude.

La figure 44 montre la différence de type toison entre ces écotypes.



**Figure 44. Photos des écotypes D'man \_Alg étudiés : Ecotype 1 : toison de type poilue, Ecotype 2 : toison de type laineuse**

**(Photos originaux)**

#### **1.2.4. Méthodes d'analyses génétiques**

##### **1.2.4.1. 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 Abou Bekr Belkaid à Tlemcen et du Laboratoire de Biologie Moléculaire et Génétique (LGMC) de l'université USTO-MB à Oran.

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 1).

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

#### 1.2.4.2. Contrôle de la qualité de l'ADN

Cette étape a été réalisée au niveau de laboratoire de GenPhySE (INRA) de Toulouse Castanet-Tolosan en France en **2019**.

Nous avons effectué, un test de la qualité d'ADN grâce une spectrophotométrie en goutte via l'utilisation du NanoDrop (Thermo) qui a permis de déterminer la concentration en ADN de la solution ainsi que d'évaluer sa pureté. 1 µL de la solution est dosé, contre un témoin approprié (matrice de la solution d'ADN).

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

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

#### 1.2.5. Protocole expérimental

##### *Caractérisation moléculaire par les microsatellites*

Cette étude a été réalisée au niveau du laboratoire d'analyse génétique à l'université ADNAN MANDERES, Aydin, Turquie par Ameer Ameer en 2018.

##### *Analyse des variations d'insertion/délétion (InDel) dans le gène ovin IRF2BP2 : cas des races ovines Maghrébines et une race Iranienne*

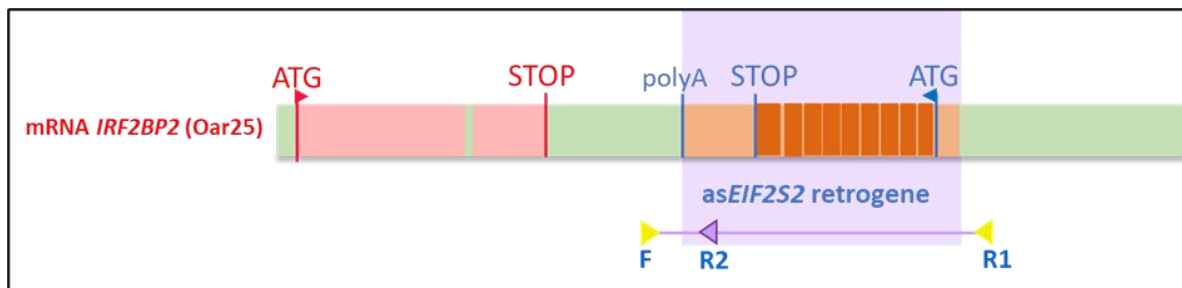
#### 1.2.5.1. Conditions d'amplification

Les conditions d'amplification par PCR Thermocycleur 2720 (Life Technologies) ont été réalisées au niveau de laboratoire GenPhySE, INRAe, Toulouse Castanet-Tolosan en France.

Le génotypage du polymorphisme Indel constitué par l'insertion du as IEF2S2 dans le 3'UTR du gène IRF2BP2 a été développé à l'origine par **Demars et al. (2017)**.



L'amplification par PCR consiste un allèle-spécifique à l'aide de trois amorces, deux à l'extérieur et une à l'intérieur de l'insertion (**figure 45**)



**Figure 45. La position des amorces dans la séquence cible du gène IRF2BP2 F (Forward),**

**R1 (Reverse 1), R2 (Reverse 2)**

(adapté par Demars *et al.*, 2017).

En utilisant des protocoles de PCR avec les conditions suivantes (**Tableau 14**)

**Tableau 14. Les conditions de cyclage thermique utilisées pour PCR**

| 1 ère T° dénaturation | Dénaturation   | Hybridation    | Élongation     | Cycles | Élongation finale |
|-----------------------|----------------|----------------|----------------|--------|-------------------|
| 95°C<br>(5 min)       | 95°C<br>(30 s) | 56°C<br>(30 s) | 7 °C<br>(60 s) | 40     | 72°C<br>(20 min)  |

### 1.2.5.2. Préparation des échantillons

La réaction de PCR a été réalisée dans un volume final de 20 µl contenant 20 ng d'ADN génomique, 0,5 U d'ADN polymérase GoTaq (Promega), 1X tampon de PCR GoTaq, 0,2 mM de dNTP, 0,6 µM de l'amorce Forward et 0,3 µM de chaque amorce inverse (**Tableau 15**).

**Tableau 15. La séquence et la position des amorces de PCR**

| Séquence                           | Brin  | Coordonnées génomiques (Oar_v3.1) |
|------------------------------------|-------|-----------------------------------|
| Forward:<br>TGGTTCACAACCCAGCTTTT   | Plus  | Chr25:7452383-7452402             |
| Reverse 1:<br>CCGGTAACATGAATTTGCAC | Moins | Chr25:7450817-7450836             |
| Reverse 2:<br>TGGCTGGACAGGTTTACCAT | Moins | Chr25:7452025-7452044             |

L'analyse génotypique des produits de PCR a été résolue par électrophorèse sur gel d'agarose à 1 % et la prise des photos est prise après 40 minutes pour la première fois et après 80 minutes pour la 2<sup>ème</sup> fois.

## 1.2.6. Méthodes d'analyse statistique

### 1.2.6.1. L'analyse des données par marqueurs microsatellites

Les statistiques moléculaires ont été réalisées à l'aide de GenAlEx 6.5 (New Brunswick, NJ) (Peakall et Smouse 2006, 2012).

Les variables analysées étaient : le nombre moyen d'allèles (MNA) ; Nombre d'allèles (Na); allèles efficaces (Ne); Index d'informations (I); Allèles LComm ( $\leq 25\%$ ) et ( $\leq 50\%$ ); Hétérozygotie observée (Ho); Hétérozygotie attendue (He); Hétérozygotie attendue impartiale (uHe); Indice de fixation (Fis) et nombre de locus hors du HWE ( $p < 0,05$ ) (F) également connu comme le classement de la diversité globale de toutes les populations ovines. Et nous avons réalisés la matrice de population par paires à travers la distance génétique Nei, la valeur Fst et la variance moléculaire (AMOVA) avec l'information de Shannon (sH) pour connaître la classification de la diversité globale de toutes les populations ovines.

Le logiciel Cervus v. 3.0.3 (Marshall, 1998) a été utilisé pour analyser le nombre d'allèles, l'hétérozygotie observée et attendue (corrigée du biais d'échantillonnage) et le contenu d'information polymorphe (PIC). Le logiciel Genepop v.4 (Raymond et Rousset, 1995) a été utilisé pour calculer le test exact de l'équilibre de Hardy-Weinberg, le test de déséquilibre de liaison entre les marqueurs. L'approche de raréfaction telle qu'implémentée dans HP-RARE (Kalinowski, 2005) a été utilisée pour l'estimation de la richesse allélique et les allèles privées. Les distances génétiques Reynolds (DR) (Reynolds *et al.*, 1983) ont été estimées à l'aide de Populations v 1.2.32 (Langella, 1999) et les dendrogrammes ont été construits selon l'algorithme de jonction de adjacents. La topologie arborescente a été construite à l'aide de Populations v 1.2.32, et la fiabilité de chaque nœud a été estimée par 1000 rééchantillonnages des données. Le programme Tree view 1.6.6 (Page, 1996) a été utilisé pour le dessin des arbres.

On considère quatre autres races ovines : Ouled Djellal, Rembi, Tâadmit, Sidaou: données d'Ameur Ameur *et al.* (2018) et nous avons utilisé les packages Adegenet (Jombart, 2008), ade4 (Dray *et al.*, 2007), Ape (Paradis *et al.*, 2004) et RColorBrewer (Neuwirth *et al.*, 2014) du programme R 4.1.2 pour dessiner des arbres individuels non enracinés, des diagrammes de dispersion de l'analyse discriminante des composantes principales (DAPC) et des diagrammes à barres des probabilités d'appartenance.

### **1.2.6.2. L'analyse des données d'Analyse des variations d'insertion/délétion (InDel) dans le gène ovine IRF2BP2 : cas des races ovines Maghrébines et une race Iranienne**

Les fréquences génotypiques et alléliques ont été calculées au sein et entre les races, sur la base du comptage des génotypes respectifs des animaux individuels. L'équilibre Hardy-Weinberg des fréquences génotypiques et alléliques a été examiné à l'aide d'un test du chi 2 ( $p \leq 0,05$ ).

Le calculateur en ligne GDIcall (<http://www.msrcall.com/Gdicall.aspx>) a été utilisé pour calculer le contenu d'information sur le polymorphisme (PIC) selon la méthode de Nei, l'hétérozygotie observée ( $H_o$ ), l'hétérozygotie attendue ( $H_e$ ) et le nombre d'allèles efficace ( $N_e$ ). Des analyses de variance moléculaire (AMOVA) ont été réalisées sur deux jeux de données en utilisant le programme Arlequin (Excoffier *et al.*, 2005). La première analyse comprenait des données pour les dix-sept races; le deuxième jeu de données consistait à effectuer l'analyse en regroupant les races selon leur pays d'origine (Algérie, Tunisie et Iran).

### **1.2.7. Principes des analyses faites en génétique des populations**

L'analyse de la variabilité des populations animale est reposée sur deux niveaux de variabilité une variabilité intra population et d'autre variabilité inter populations. Ces deux niveaux complémentaires. L'analyse des données du génotypage des marqueurs microsatellites nécessite une approche statistique particulière. Le but de cette approche est la caractérisation, l'étude de la structure et la proximité génétique des populations ovines étudiées. D'une part, une première analyse statistique nous a renseignés sur la déviation des populations étudiées par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg (EHW) ainsi que sur la structure et la variabilité génétique des populations. D'autre part, des calculs de « distances génétiques » avec les arbres phylogénétiques correspondants, Analyse multidimensionnelle (AFC) ainsi que l'application de l'algorithme basé sur des méthodes bayésiennes de clustering en assignant les individus à un ou plusieurs groupes « clusters ».

Dans le cadre de cette étude, la caractérisation génétique de 04 populations ovines locales D'man Adrar, D'man Saoura, Tazegzawt et EL Ham, à partir des différents variables calculés pour les 15 microsatellites étudiés et la caractérisation génétique de toison chez les 12 races ovines Algériennes, 04 races ovines Tunisiennes et la race Iranienne Mehraban. Ces variables sont :

### 1.2.7.1. Test de conformité à l'équilibre de Hardy-Weinberg

L'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW) a été mis en évidence au début du XX<sup>ème</sup> siècle par un mathématicien anglais, G.H. Hardy, et un médecin allemand, W. Weinberg, et stipule que « les fréquences alléliques restent stables de génération en génération dans une population diploïde idéale et ne dépendent que des fréquences de la génération initiale ». Dans le cas le plus simple, avec un locus avec deux allèles (A) et (a) de fréquences alléliques (p) et (q) respectivement, la loi EHW prédit que la fréquence génotypique pour l'homozygote AA est  $p^2$ , celle de l'hétérozygote (Aa) est de  $(2pq)$  et celle de l'homozygote (aa) est  $(q^2)$ . La notion d'équilibre dans ce modèle est soumise aux conditions suivantes :

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

Une perturbation de l'EHW donne des indications sur la divergence génétique des populations. Celle-ci dépend des quatre forces évolutives : la sélection, les mutations, la dérive génétique et le flux génique, décrits dans le premier chapitre. La conséquence de l'action de ces forces évolutives est de faire varier les fréquences alléliques et le taux d'hétérozygotes de la population par rapport à l'EHW. Les écarts à la panmixie peuvent ainsi être le résultat du mode d'union des reproducteurs qui n'est pas panmictique (homogamie, hétérogamie, union entre apparentés, sélection des reproducteurs), de la fragmentation de la population en sous populations, c'est l'effet Wahlund, ou encore d'introductions récentes et/ou croisements entre populations différentes (excès d'hétérozygoties). Ces données peuvent être très utiles pour comprendre l'histoire de la population. Il faut savoir aussi que l'échantillonnage induit parfois des biais par une sur-représentation de certaines structures familiales. D'autre part, la présence d'allèles nuls ainsi que les artéfacts de lecture induit une sous-estimation de l'hétérozygotie observée. Pour tester l'équilibre de Hardy Weinberg, on définit une hypothèse nulle  $H_0$  ( $H_0$  : la population est en équilibre de Hardy Weinberg). Ensuite on calcule l'indice de fixation intra population de Wright ( $F_{IS}$ ), qui correspondrait à la perte actuelle d'hétérozygotie due à la consanguinité. Les résultats sont interprétés par rapport à un seuil préalablement fixé (5 %). Si la P-value est inférieure à 0,05, l'hypothèse  $H_0$  est rejetée c'est-à-dire la valeur du  $F_{IS}$  dans la population étudiée dévie significativement par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg (déficit en hétérozygoties si les valeurs du  $F_{IS}$  sont

positives et excès en hétérozygoties si les valeurs du  $F_{IS}$  sont négatives). Par contre, si la  $P$  value est supérieure à 0,05,  $H_0$  est acceptée, la valeur du  $F_{IS}$  n'est pas significativement différente de 0 et donc la population étudiée est en équilibre de Hardy-Weinberg.

### 1.2.7.2. Fiabilité des loci

#### ❖ 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).

#### ❖ 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 :

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

#### ❖ 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 variables ont été analysées à l'aide du logiciel Genepop (Raymond et Rousset, 1995). En utilisant la méthode de la chaîne de

Markov pour comparer la valeur de  $\alpha$  avec la valeur sans biais de P, la cohérence entre les données attendues et les données observées est vérifiée (**Guo et Thompson, 1992**).

### 1.2.7.3. 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. L'analyse des génotypes obtenus à partir des microsatellites étudiés pour estimer les critères est effectuée suivant :

#### 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**).

#### a. 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 est 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  $k$

- $n_i$  est le nombre d'individus hétérozygotes pour l'allèle  $i$  au locus  $k$
- $N$  est le nombre total d'individus typés au locus  $k$  avec
- $l_k$  : est le nombre d'allèles au locus  $k$

**b. 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 :

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

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

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

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

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 :

$$\sum_{i=1}^{l_k} p_{ik} = 1$$



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

- $P_{ikx}$  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).

### c. 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, le nombre  $A_e$  est exprimé comme suit (Crow et Kimura, 1970):

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

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).

#### 1.2.7.4. 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 ( $H_T$ ) de cette espèce peut être décomposée en diversité intra-population ( $H_S$ ) et diversité inter-population (DST). Les indices  $H_T$  et  $H_S$  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 :

$$H_S = \frac{\sum_i^k H_{e_i}}{X}$$

#### ❖ 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 variables suivantes :  $H_I$ ,  $H_S$  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  $i$ ème allèle. Soit pour la  $S$ 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 :

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

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 variables  $F_{IT}$ ,  $F_{IS}$  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 GenePop 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 génétique 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.

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

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

#### ❖ Corrélation entre matrices de distances génétiques

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

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

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

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

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

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

#### 1.2.7.5. Méthodes de construction des dendrogrammes

Les dendrogrammes sont des diagrammes qui traduisent graphiquement les degrés de similitude entre les groupes et qui sont hiérarchisés en effectuant des moyennes entre les distances (**Solignac et al., 1995**). Une fois les distances de Nei et Reynolds sont calculées, différentes méthodes qui se distinguent par leurs hypothèses évolutives et leurs algorithmes ont été appliquées pour la construction des dendrogrammes. Nous avons choisi les méthodes du "Unweighted Pair Group Method Analysis" (UPGMA) (**Sneath et Sokal, 1973**) et de "Neighbor-Joining" (NJ) (**Saitou et Nei, 1987**), car elles sont les plus couramment utilisées. Ces deux méthodes regroupent les populations en partant des plus ressemblantes pour aller jusqu'aux moins ressemblantes. Ainsi, dans une première étape, les populations les plus ressemblantes sont recherchées et regroupées. Une nouvelle matrice de distances est calculée dont le mode de calcul varie d'une méthode à l'autre (**Laliberté, 1998**).

##### a. Méthode "UPGMA"

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

clusters. À chaque étape, les deux populations les plus proches vont être agglomérées et ainsi de suite jusqu'à ce que toutes les populations soient agglomérées pour obtenir l'arbre final. Cette construction impose l'hypothèse que les vitesses d'évolution sont identiques entre les différentes branches de l'arbre et donc que la distance mesurée sur l'arbre entre deux clusters. À chaque étape, les deux populations les plus proches vont être agglomérées et ainsi de suite jusqu'à ce que toutes les populations soient agglomérées pour obtenir l'arbre final. Cette construction impose l'hypothèse que les vitesses d'évolution sont identiques entre les différentes branches de l'arbre et donc que la distance mesurée sur l'arbre entre deux populations est proportionnelle au temps de divergence entre ces dernières. Ces arbres sont donc naturellement enracinés.

### b. Méthode “Neighbor-Joining”

Cet algorithme conduit à la construction d'un arbre dans lequel la distance entre deux objets est égale à la somme des branches qui les rattachent. Les longueurs des branches sont ici inégales et ont un sens : elles représentent la quantité d'évolution d'un objet depuis sa divergence. Le principe de cette méthode est d'identifier les paires les plus proches, ou adjacents, de manière à minimiser la longueur totale de l'arbre. Deux adjacents sont deux objets connectés par un nœud simple dans un arbre non enraciné (c'est-à-dire qui n'a pas d'origine, et qui reflète des distances entre unités sans notion d'ancestralité). La topologie de l'arbre sera obtenue par regroupements successifs de paires de adjacents. On démarre avec un arbre étoilé, où tous les objets sont à égale distance d'un nœud central, puis on définit des adjacents de manière à ce que, s'ils sont regroupés, l'arbre a une longueur totale plus courte. L'ensemble des dendrogrammes, que nous avons réalisé, a été obtenu par l'utilisation des logiciels Popgene 1.32 (Yeh *et al.*, 1997) et (Felsenstein, 1993), à partir des matrices de distances génétiques de Nei (1972) et celle de Reynolds (1983) respectivement, L'AMOVA décompose la variance totale en 3 composantes :

- ✚ Les variations entre les populations.
- ✚ Les variations entre les individus à intra population.
- ✚ Les variations dans les individus à l'intérieur des populations.

#### 1.2.7.6. Analyse factorielle des correspondances (AFC)

L'analyse factorielle des correspondances (AFC) introduite par Benzécri *et al.* (1973), a été adaptée aux données génétiques diploïdes par She *et al.* (1987). L'AFC place chaque individu dans un hyper-espace à K dimensions (K étant le nombre total d'allèles présents sur



l'ensemble des loci) et les projette sur les plans définis par les axes orthogonaux (donc indépendants) expliquant le mieux la dispersion des points (même principe que celui d'une régression). Une mesure de la pertinence des axes ainsi définis est représentée par le pourcentage d'inertie de chaque axe. Comme il y a K axes, un axe représentant 100/K % d'inertie ne veut rien dire. L'inertie est donc proportionnelle non seulement à la quantité d'information que l'axe correspondant représente, mais est aussi fonction du nombre total d'axes (plus il y a d'axes et moins chaque axe peut avoir une très forte inertie). L'AFC est une procédure qui peut s'avérer utile pour classer les individus en fonction de leur proximité génétique.

#### 1.2.7.7. Méthodes de clustering

Afin de mettre en évidence l'existence de groupes génétiquement distincts à l'intérieur d'une population, **Pritchard et al. (2000)** ont développé un algorithme basé sur des méthodes Bayésiennes de Clustering à l'aide de Structure (**Pritchard et al., 2000**). Cette approche définit « K » sous-populations, en assignant les individus à un ou plusieurs groupes « clusters » avec un certain pourcentage, sans information a priori sur leur appartenance à une population. Les analyses de Structure sont lancées, avec un « burn-in » de 50000 suivis de 100000 itérations. En fixant K entre 2 et 12 suit d'un jeu de vingt simulations MCMC (Markov Chain Monte-Carlo). Pour la détermination de la valeur de K la plus vraisemblable et donc le nombre de sous populations le plus probable, la courbe d'évolution du log-likelihood en fonction de K peut montrer dans certains cas un maximum ou un plateau à un point donné, que l'on considère alors comme la valeur de K optimale (**Pritchard et al., 2000**). Cette méthode n'est pas toujours efficace, ce qui a motivé le développement d'une autre méthode pour le choix de K (**Evanno et al., 2005**). Cette deuxième méthode est basée sur la variation de second ordre du log likelihood, qui semble plus efficace pour certaines données (**Camus-Kuletaelu, 2007**). Dans notre étude, nous avons évalué la valeur la plus probable de K en utilisant le taux de changement de second ordre  $\Delta(K)$  selon **Evanno et al. (2005)** à l'aide de l'application en ligne de Structure Harvester version.0.6.1 (**Earl et Vonholdt, 2011**).

#### 1.2.7.8. Méthodes d'affectation des individus à une population

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

l'origine raciale des animaux, de les classer en fonction de leur ressemblance sur la base des génotypes aux marqueurs microsatellites, de calculer la fiabilité de ce classement sur un grand nombre de répétitions (10000) et de comparer ensuite ce classement avec leur origine raciale. Le logiciel utilisé est GeneClass2 (**Piry *et al.*, 2004**). Le critère retenu pour l'affectation est celui de **Rannala et Mountain (1997)**, un individu est classé dans la population pour laquelle la probabilité d'affectation est la plus élevée. La méthode de fréquence calculée, en fonction du génotype de chaque individu, est d'estimer sa probabilité d'appartenance aux différentes races et de l'affecter à la race pour laquelle cette probabilité est maximale. Les populations sont supposées être à l'équilibre de Hardy Weinberg (**Gaouar, 2009**).

## *Résultats et Interprétations*

## 2. Résultats et Interprétation

### Caractérisation phénotypique

#### 2.1. Caractérisation phénotypique de deux populations Tazegzawt et EL Ham

##### 2.1.1. Variation des individus selon les caractères quantitatifs

##### 2.1.1.1. Variation des mensurations selon la population

Les résultats des mesures selon population (Tazegzawt et EL Ham) ont été présentés dans le tableau 16.

Tableau 16. Variation des mensurations selon la population

| variable/N       | Tazegzawt   | EL Ham       | P value |
|------------------|-------------|--------------|---------|
|                  | 25          | 49           |         |
| <b>HG (cm)</b>   | 85.12±4.75  | 81.69±6.79   | *       |
| <b>TP (cm)</b>   | 109.04±7.67 | 110.71±10.64 | **      |
| <b>LSI (cm)</b>  | 87.00±9.28  | 71.33±8.51   | ***     |
| <b>LB (cm)</b>   | 32.04±2.68  | 22.17±3.41   | ***     |
| <b>Ltro (cm)</b> | 27.48±2.10  | 27.05±3.5    | ns      |
| <b>LE (cm)</b>   | 24.72±3.31  | 21.47±4.55   | **      |
| <b>TL (cm)</b>   | 31.42±3.09  | 25.52±2.98   | ***     |
| <b>tla (cm)</b>  | 18.82±4.03  | 13.96±2.33   | ***     |
| <b>oL (cm)</b>   | 21.88±1.64  | 15.42±1.70   | ***     |
| <b>ola (cm)</b>  | 10.00±0.54  | 8.20±0.89    | ***     |
| <b>HP (cm)</b>   | 38.76±3.33  | 32.86±3.30   | ***     |
| <b>Pc (cm)</b>   | 9.44±0.75   | 8.96±0.89    | *       |

*Pvalue : \* Significatif à 0,05 ; \*\* Significatif à 0,01 ; \*\*\* Significatif à 0,001 ; Ns : Non significatif. Caractères quantitatifs : Hauteur au garrot (HG) ; Tour de poitrine (TP); Profondeur de poitrine (HP); Longueur scapulo-ischiale (LSI) ou longueur du corps. Longueur du bassin (LB) ; Largeur du trochanter (Ltro) ; Largeur aux épaule (LE); Longueur de la tête (TL); Largeur de tête (tla); Longueur des oreilles (oL); Largeur des oreilles (ola); Profondeur de poitrine ou hauteur de poitrine (HP); Périmètre de canon (Pc).*

De manière générale, les différences de morphologie entre les deux populations étaient très hautement significatives ( $P < 0,001$ ) pour les caractères : LSI ; LB ; tL ; tla ; oL ; ola ; HP,

## RESULTATS ET INTERPRETATION

hautement significatif ( $P < 0,01$ ) pour TP et LE, et significatif ( $P < 0,05$ ) pour les deux caractères HG et Pc. Il semble que les deux races soient hétérogènes.

La population de Tazegzawt est aussi plus haute (HG :  $85,12 \pm 4,75$  cm ; HP :  $38,76 \pm 3,33$  cm) et plus longue (LSI :  $87,00 \pm 9,28$  cm) ; elle a un bassin plus large. (LB :  $32,04 \pm 2,68$  cm) ; plus large devant (LE :  $24,72 \pm 3,31$  cm) ; une tête et des oreilles plus longues (TL :  $31,42 \pm 3,09$  cm ; oL :  $21,88 \pm 1,64$  cm) ; plus large (tla :  $18,82 \pm 4,03$  cm ; ola :  $10,00 \pm 0,54$  cm) et un périmètre de baril plus développé (Pc :  $9,44 \pm 0,75$  cm) par rapport à la population EL Ham. Cependant, la population EL Ham a une poitrine développée (TP :  $110,71 \pm 10,64$  cm).

### 2.1.1.2. Variation des mensurations selon le sexe

Les mensurations étudiées chez les deux sexes (mâles et femelles) de deux populations ovines se trouvaient dans le tableau 17.

**Tableau 17. Variation des individus selon le sexe**

| Variable         | Mâles       |             | P   | Femelles    |              | P   |
|------------------|-------------|-------------|-----|-------------|--------------|-----|
|                  | Tazegzawt   | EL Ham      |     | Tazegzawt   | EL Ham       |     |
|                  | 15          | 13          |     | 10          | 36           |     |
| <b>HG(cm)</b>    | 87.73±3.47  | 82.92±6.62  | *   | 81.20±3.61  | 81.25±3.86   | ns  |
| <b>TP (cm)</b>   | 111.87±7.78 | 103.08±6.03 | **  | 104.80±5.43 | 101.22±11.56 | ns  |
| <b>LSI (cm)</b>  | 90.40±10.62 | 73.15±12.81 | **  | 81.90±10    | 70.67±6.44   | *** |
| <b>LB (cm)</b>   | 32.87±2.72  | 22.50±3.21  | *** | 30.80±2.37  | 22.06±1.61   | *** |
| <b>Ltro (cm)</b> | 27.93±2.25  | 27.77±3.51  | ns  | 26.80±1.75  | 26.79±3.78   | ns  |
| <b>LE (cm)</b>   | 25.60±3.81  | 22.31±4.31  | *   | 23.40±1.84  | 21.17±4.66   | ns  |
| <b>TL (cm)</b>   | 31.97±3.80  | 25.31±2.95  | *** | 30.60±1.35  | 25.60±3.03   | *** |
| <b>tla (cm)</b>  | 20.57±2.69  | 13.31±4.78  | *** | 16.20±1.75  | 14.19±2.18   | *   |
| <b>oL (cm)</b>   | 21.47±1.77  | 14.85±2.27  | *** | 22.50±1.27  | 15.63±1.43   | *** |
| <b>ola (cm)</b>  | 10.07±0.53  | 7.96±0.97   | *** | 9.90±0.57   | 8.28±0.85    | *** |
| <b>HP (cm)</b>   | 40.40±2.87  | 34.31±2.56  | *** | 36.30±3.48  | 32.33±2.06   | **  |
| <b>Pc (cm)</b>   | 9.80±0.70   | 9.42±1.04   | ns  | 8.90±2.36   | 8.79±3.41    | ns  |

*Pvalue : \* Significatif à 0,05 ; \*\* Significatif à 0,01 ; \*\*\* Significatif à 0,001 ; Ns : Non significatif. Caractères quantitatifs : Hauteur au garrot (HG) ; Tour de poitrine (TP) ; Profondeur de poitrine (HP) ; Longueur scapulo-ischiale (LSI) ou longueur du corps. Longueur du bassin (LB) ; Largeur du trochanter (Ltro) ; Largeur aux épaule (LE) ; Longueur de la tête (TL) ; Largeur de tête (tla) ; Longueur des oreilles (oL) ; Largeur des*

## RESULTATS ET INTERPRETATION

*oreilles (ola); Profondeur de poitrine ou hauteur de poitrine (HP); Périmètre de canon (Pc).*

Les mensurations morphométriques des deux populations ovines Tazegzawt et EL Ham ont varié selon le sexe. Nous avons observé d'une part des différences significatives entre les mâles des deux populations ovines à 0,05 pour les caractères : HG et LE et des différences hautement significatives à 0,01 pour les caractères : TP et LSI et des différences très hautement significatives à 0,001 pour les caractères : LB ; tL; HW ; oL; Ltro ; HP. En revanche, le sexe des animaux n'a pas eu d'effet significatif ( $P > 0,05$ ) sur les deux mesures morphométriques : Ltro et Pc chez les mâles des deux populations ovines.

Il a été remarqué que les mâles de la population Tazegzawt sont plus hauts (HG :  $87,73 \pm 3,47$  cm) et plus longs (LSI :  $90,40 \pm 10,62$  cm). Ils ont une poitrine plus développée (TP :  $111,87 \pm 7,78$  cm ; HP :  $40,40 \pm 2,87$  cm). Ils ont la tête et les oreilles plus longues et plus larges (L :  $31,97 \pm 3,80$  cm ; ola :  $20,57 \pm 2,69$  cm). (TL :  $21,47 \pm 1,77$  cm ; tla :  $10,07 \pm 0,53$  cm), ils sont plus larges devant (LE :  $25,60 \pm 3,81$  cm) et ils ont un bassin plus large (LB :  $32,87 \pm 2,72$  cm) par rapport aux mâles de la population EL Ham.

Des différences significatives ont été observées entre les femelles des deux races ovines à 0,05 pour les caractères : tla ( $P < 0,05$ ) et des différences très significatives à 0,01 pour le caractère : HG ( $P < 0,01$ ) et des différences très hautement significatives à 0,001 pour les caractères : LSI ; LB; tL; oL et ola ( $P < 0,001$ ).

Enfin, le sexe des animaux n'a pas eu d'effet discriminant ( $P > 0,05$ ) pour les mesures morphométriques : TP ; LSI ; Ltro ; LE et Pc chez les femelles des deux populations ovines. Les femelles de la race Tazegzawt sont plus longues (LSI :  $81,90 \pm 10$  cm), elles ont une tête plus longue et plus large (tL :  $30,60 \pm 1,35$  cm ; tla :  $16,20 \pm 1,75$  cm) ; oreilles plus longues et plus larges (oL :  $22,50 \pm 1,27$  cm ; ola :  $9,90 \pm 0,57$  cm) ; une poitrine plus développée (HP :  $36,30 \pm 3,48$  cm) et un bassin plus large (LB :  $30,80 \pm 2,37$  cm) par rapport aux femelles de la population EL Ham.

### 2.1.1.3. Variation des mensurations selon l'âge

Les mensurations étudiées en fonction de l'âge pour deux populations ovines sont présentées dans le tableau 18.

**Tableau 18. Variation des variables selon l'âge**

|          | 1 year | 2 years | 3 years | 4 years | ≥ 5 years | P |
|----------|--------|---------|---------|---------|-----------|---|
| variable | 16     | 10      | 6       | 7       | 10        |   |

## RESULTATS ET INTERPRETATION

|                  |                           |                           |                          |                            |                           |           |
|------------------|---------------------------|---------------------------|--------------------------|----------------------------|---------------------------|-----------|
| <b>HG (cm)</b>   | 78.25 <sup>c</sup> ± 5.20 | 84.60 <sup>ab</sup> ±7.43 | 88.17 <sup>a</sup> ±7.00 | 81.86 <sup>abc</sup> ±7.43 | 80.30 <sup>bc</sup> ±4.60 | <b>*</b>  |
| <b>TP (cm)</b>   | 96.38±10.07               | 103.30±7.96               | 105.83±7.7<br>8          | 104.71±7.34                | 104.10±14.97              | <b>ns</b> |
| <b>LSI (cm)</b>  | 31.75±3.96                | 34.50±2.59                | 33.17±3.49               | 32.57±2.51                 | 33.00±2.98                | <b>ns</b> |
| <b>LB (cm)</b>   | 69.19±7.25                | 73.40±12.97               | 74.67±9.87               | 70.57±3.78                 | 71.20±6.80                | <b>ns</b> |
| <b>Ltro (cm)</b> | 22.09±3.06                | 22.20±4.23                | 23.67±3.61               | 22.00±2.52                 | 21.50±3.87                | <b>ns</b> |
| <b>LE (cm)</b>   | 20.63±4.47                | 22.00±4.47                | 21.58±6.71               | 22.36±4.01                 | 21.60±4.38                | <b>ns</b> |
| <b>tL (cm)</b>   | 26.16±4.09                | 27.75±1.84                | 26.75±4.26               | 28.14±1.95                 | 27.20±3.50                | <b>ns</b> |
| <b>tla (cm)</b>  | 24.53±2.28                | 24.60±3.13                | 26.33±2.34               | 27.00±3.32                 | 26.50±3.57                | <b>ns</b> |
| <b>oL (cm)</b>   | 13.63±3.14                | 13.70±2.31                | 14.83±1.17               | 14.57±1.99                 | 13.80±1.62                | <b>ns</b> |
| <b>ola (cm)</b>  | 14.69±1.74                | 16.05±1.77                | 16.17±1.47               | 15.86±1.77                 | 15.20±1.40                | <b>ns</b> |
| <b>HP (cm)</b>   | 7.91±0.84                 | 8.40±0.70                 | 8.83±0.75                | 8.36±0.94                  | 7.94±7.01                 | <b>ns</b> |
| <b>Pc (cm)</b>   | 8.84±0.77                 | 9.55±0.90                 | 8.92±0.80                | 8.50±1.19                  | 8.90±0.74                 | <b>ns</b> |

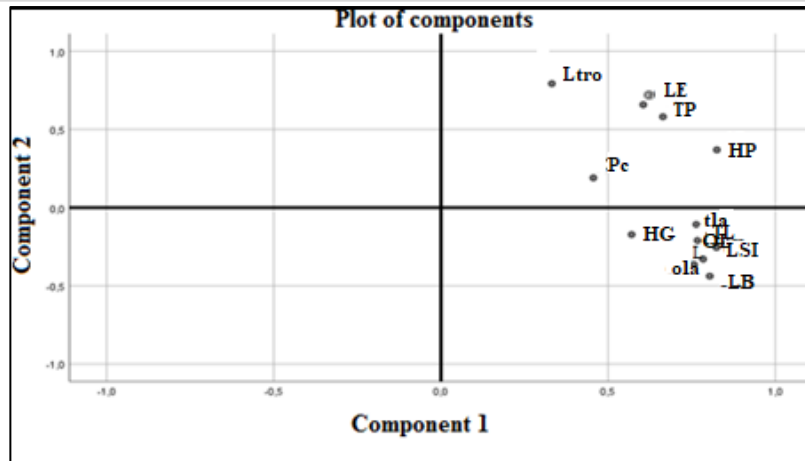
*P value : \* Significatif à 0,05 ; \*\* Significatif à 0,01 ; \*\*\* Significatif à 0,001 ; Ns : Non significatif. Caractères quantitatifs : Hauteur au garrot (HG) ; Tour de poitrine (TP) ; Profondeur de poitrine (HP) ; Longueur scapulo-ischiale (LSI) ou longueur du corps. Longueur du bassin (LB) ; Largeur du trochanter (Ltro) ; Largeur aux épaule (LE) ; Longueur de la tête (tL) ; Largeur de tête (tla) ; Longueur des oreilles (oL) ; Largeur des oreilles (ola) ; Profondeur de poitrine ou hauteur de poitrine (HP) ; Périmètre de canon (Pc).*

Alors qu'il n'y avait pas de différence significative ( $P > 0,05$ ) pour la majorité des caractéristiques morphologiques des populations Tazegzawt et EL Ham en ce qui concerne l'âge. Une différence significative a été observée à 0,05 pour le caractère hauteur au garrot (HG) ( $p < 0,05$ ). Les animaux de 3 ans étaient plus hauts et les animaux de 1 an et 5 ans étaient plus petites.

### 2.1.1.4. Variation des individus selon les mensurations

#### ✓ Analyse des variables

Une analyse en composantes principales (ACP) est effectuée avec les variables LSI, HG, TP, HP, LE, Ltro et Pc. La variance expliquée était de 66,42 % dont 48,47 % et 17,95 % expliqués respectivement par la première et la deuxième composante de l'ACP (**Figure 46**).



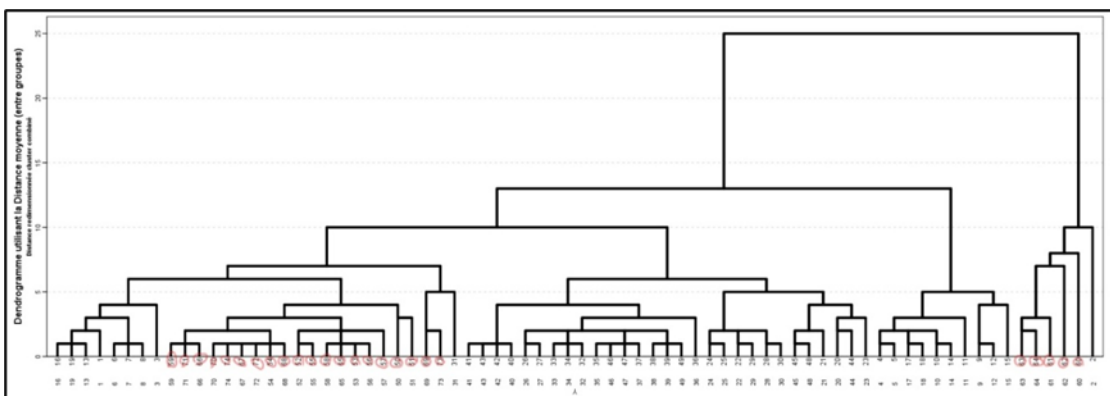
**Figure 46. Graphique des premier et deuxième composants ACP représentant les traits morphométriques des populations Tazegzawt et EL Ham.**

**Axe 1 :** (48,47 %) : est représenté par les variables suivantes : HG ; TP ; HP; LSI ; LB; tL; tla ; oL; ola et Pc.

**Axe 2 :** (17,95 %) : est représenté par les variables suivantes : LE ; Ltro.

✓ **Analyse des individus**

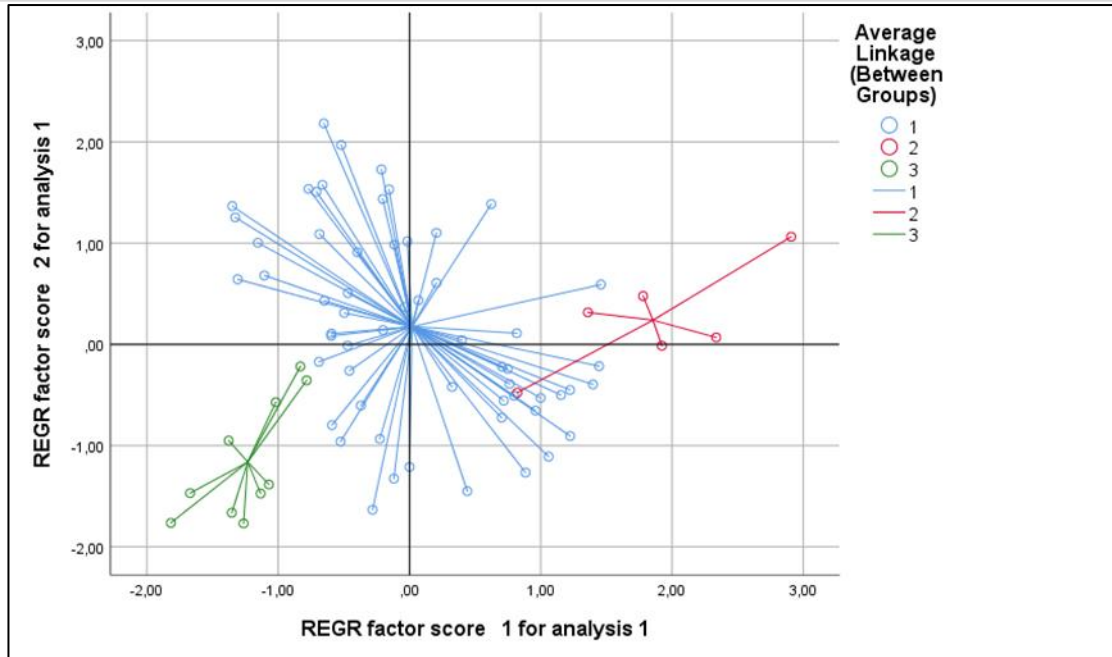
En combinant l'ACP et la classification ascendante hiérarchique, nous avons pu mettre en évidence trois groupes d'animaux distingués (**Figure 47 et 48**).



**Figure 47. Arbre hiérarchique utilisant la distance moyenne des traits morphologiques des ovins.**



**RESULTATS ET INTERPRETATION**



**Figure 48. Présentation des individus par ACP des populations ovines étudiées**

Les caractéristiques morphologiques pour chaque classe sont présentées dans le tableau 19

**Tableau 19. Classification des animaux de deux populations ovines étudiées par ACP**

|                  | <b>Classe 1</b> | <b>Classe 2</b> | <b>Classe 3</b> |
|------------------|-----------------|-----------------|-----------------|
| <b>N</b>         | 58              | 06              | 10              |
| <b>HG (cm)</b>   | 82.60±6.21      | 90.33±6.31      | 79.80±3.61      |
| <b>TP (cm)</b>   | 105.84±6.09     | 119.33±5.85     | 85.50±6.87      |
| <b>HP (cm)</b>   | 35.21±3.12      | 41.33±4.72      | 28.90±3.12      |
| <b>LSI (cm)</b>  | 75.45±9.04      | 101.67±5.68     | 68.40±5.52      |
| <b>LE (cm)</b>   | 23.11±3.45      | 28.17±4.62      | 16.05±1.38      |
| <b>Ltro (cm)</b> | 27.69±2.50      | 29.00±2.00      | 23.25±3.82      |
| <b>Pc (cm)</b>   | 9.07±0.83       | 10.33±0.41      | 8.70±0.71       |

*Caractères : Hauteur au garrot (HG) ; Tour de poitrine (TP) ; Profondeur de poitrine (HP) ; Longueur scapulo-ischiale (LSI) ou longueur du corps. Longueur du bassin (LB) ; Largeur du trochanter (Ltro) ; Largeur d'épaule (LE) ;*

## RESULTATS ET INTERPRETATION

Périmètre de canon (Pc).

Du tableau 19 il y'a :

**Classe 01 :** 58 individus des populations ovines Tazegzawt et EL Ham sont représentés dans ce groupe. Les animaux de cette classe constituaient la majorité des populations étudiées. Ils sont élancés (LSI :  $75,45 \pm 9,04$  cm) ; plus haut (HG :  $82,60 \pm 6,21$ cm) ; large devant (LE :  $23,11 \pm 3,45$  cm). Large en arrière (Ltro :  $27,69 \pm 2,50$  cm) avec une poitrine (HG :  $105,84 \pm 6,09$  cm) et un périmètre de canon bien développé (Pc :  $9,07 \pm 0,83$  cm).

**Classe 02 :** représentée par six individus : cinq individus Tazegzawt et un seul individu de la population EL Ham. Les animaux de cette classe sont totalement différents des autres classes. Ce sont les plus développés par rapport aux autres animaux, ils sont les plus longs (LSI =  $101,67 \pm 5,68$  cm) avec un tour de poitrine droit plus développé (TP :  $119,33 \pm 5,85$  cm), ils sont plus hauts sur les pattes avec une hauteur au garrot (HG :  $90,33 \pm 6,31$  cm).

**Classe 03 :** Cette classe est composée de 10 individus issus uniquement de la population EL Ham. Ils sont moins développés avec un tour de poitrine droit moins développé (TP :  $85,50 \pm 6,87$ cm). Ils sont moins longilignes (LSI :  $68,40 \pm 5,52$  cm) et plus étroits (LE :  $16,05 \pm 1,38$  cm) avec un périmètre de canon assez fin (Pc :  $8,70 \pm 0,71$  cm) par rapport aux individus des autres classes.

### 2.1.2. Variation des individus selon les caractères qualitatifs

#### 2.1.2.1. Statistique descriptive

Les résultats de l'analyse descriptive des caractéristiques qualitatifs de deux populations ovines (Tazegzawt et EL Ham) sont présentés dans le tableau 20.

**Tableau 20. Analyse descriptive des caractéristiques qualitatives des deux populations ovines**

| Les caractères qualitatifs | Couleur de la tête |                 |
|----------------------------|--------------------|-----------------|
|                            | Nombre             | Pourcentage (%) |
| Pigmenté                   | 37                 | 50              |
| Blanc                      | 19                 | 25.7            |
| Tricolore                  | 15                 | 20.3            |
| Rousse et noir             | 3                  | 4.1             |

**RESULTATS ET INTERPRETATION**

| <b>Couleur de la peau</b>        |    |      |
|----------------------------------|----|------|
| Blanc                            | 58 | 78.4 |
| Pigmenté                         | 16 | 21.6 |
| Total                            | 74 | 100  |
| Blanc                            | 45 | 60.8 |
| Noir                             | 29 | 39.2 |
| <b>Couleur de paturon</b>        |    |      |
| Blanc                            | 41 | 55.4 |
| Noir                             | 17 | 23.0 |
| Pie nir                          | 16 | 21.6 |
| Total                            | 74 | 100  |
| Blanc                            | 42 | 56.8 |
| Noir                             | 29 | 39.2 |
| Noir magpie                      | 3  | 4.1  |
| <b>Couleur de genou</b>          |    |      |
| Blanc                            | 42 | 56.8 |
| Noir                             | 29 | 39.2 |
| Pie noir                         | 3  | 4.1  |
| <b>Cornes</b>                    |    |      |
| Présence                         | 19 | 25.7 |
| Absence                          | 55 | 74.3 |
| <b>Pendeloques</b>               |    |      |
| Présence                         | 27 | 36.5 |
| Absence                          | 47 | 63.5 |
| <b>Taches bleues à la langue</b> |    |      |
| Présence                         | 52 | 70.3 |
| Absence                          | 22 | 29.7 |
| <b>Type de toison</b>            |    |      |
| Envahissante                     | 27 | 36.5 |
| Semi-envahissante                | 41 | 55.4 |
| Non-envahissante                 | 6  | 8.1  |
| <b>Profile cephalic</b>          |    |      |

**RESULTATS ET INTERPRETATION**

|                   |    |    |
|-------------------|----|----|
| Busqué            | 54 | 73 |
| Légèrement busqué | 20 | 27 |

Du tableau 20 il y'a :

Le total de la population ovine étudiée a une couleur de tête (50,0 % pigmentée et 25,7 % blanche), la couleur de la peau (78,4 % blanche et 21,6 % pigmentée), la couleur du paturon (55,4 % blanc et 23,0 % noir), la couleur du genou (56,8 % de blancs et 39,2 % de noirs), les cornes (25,7 % de présence et 74,3 % d'absence), les pendeloques (36,5 % de présence et 63,5 % d'absence), les taches bleues sur la langue (70,3 % de présence et 29,7 % d'absence), les la toison (36,5 % envahissante et 55,4 % semi-envahissante et 8,1 % non envahissante), le profil céphalique (73 % busqué. 27 % légèrement busqué).

Les résultats de l'analyse descriptive des caractères qualitatifs de deux populations ovines sont dans le tableau 21.

**Tableau 21. Analyse descriptive des caractères qualitatifs de deux populations ovines  
Tazegzawt et EL Ham**

| <b>Caractères qualitatifs</b> | <b>Tazegzawt</b>                                | <b>EL Ham</b>  |
|-------------------------------|---|--|
| <b>Les oreilles</b>           | Tambante (92%)<br>Longue et Tambante (8%)       | Tambante (100%)  |
| <b>Couleur de la tête</b>     | Pie noir (60%) ;<br>Tricolore (40%)             | Pie noir (44.90%) ; Blanc (38.78%) ; Tricolore (10.20%) ; Bicolore (6.12%) |
| <b>Couleur de la peau</b>     | Blanc (68%) ; Pigmentée (32%)                   | Blanc (83.7%) ; Pigmentée (16.3%)  |
| <b>Couleur de jarret</b>      | Blanc (76%) ; Noir (24%)                        | Blanc (53.1%) ; Noir (46.9%)   |
| <b>Couleur de paturon</b>     | Blanc (52%) ; Noir (48%)                        | Blanc (57.1%) ; Noir (10.2%) ;<br>Noir magpie 32.7%                        |
| <b>Couleur de genou</b>       | Blanc (84%) ; Noir (16%)                        | Blanc (42.9%) ; Noir (51%) ;<br>Noir Pie (6.1%)                            |
| <b>Cornes</b>                 | Présence (40%) ; Absents (52%) ;<br>Blancs (8%) | Présence (14.3%) ; Absence (85.7%)   |
| <b>Pndeloques</b>             | Présence (76%) ; Absence (24%)                  | Présence (16.3%) ; Absence (83.7%)   |

**RESULTATS ET INTERPRETATION**

|                                |  |  |
|--------------------------------|--|--|
| <b>Tache bleue à la langue</b> | Présence (76%) ; Absence (24%)   | Présence (67.3%) ; Absence (32.7%)               |
| <b>Toison</b>                  | Envahissante (%48%) ; Semi-envahissante (28%); Non-envahissante (24%). | Envahissante (30.6%) ; Semi-envahissante (69.4%) |
| <b>Profile céphalique</b>      | Busqué (100%)  | Busqué (59.2%) ; Légèrement busqué (40.8%)       |

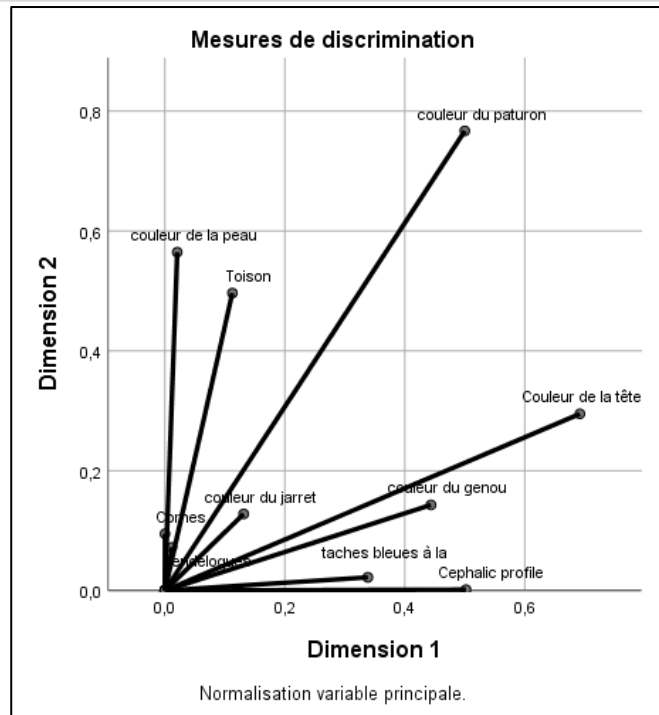
Il ressort du tableau 21 que :

la population ovine Tazegzawt étudiée présente une tête de pie noire chez 60% des individus et tricolore chez 40% ; la couleur de la peau est blanche (68 %) chez la majorité des individus et 32 % pigmentée ; la couleur du jarret est blanche (76 %) ou noire (24 %) ; la couleur du paturon est blanche chez 52 % des individus et 48 % noire ; les cornes sont présentées à 40% ; les pendeloques et les taches bleues à la langue sont présentés à 76% ; la toison est envahissante chez 48% des individus et cette population a un profil céphalique busqué (100%) et les oreilles sont Tambantes chez 92% des individus.

La population ovine EL Ham étudiée a une tête noire (44,90%), blanche (38,78%), tricolore (10,20%), bicolore (6,12%), la couleur de la peau est blanche (83,7%) chez la majorité des individus, la couleur du jarret est blanc (53,1 %) ou noir (46,9 %), la couleur du paturon est blanche chez 57,1 % des individus, la couleur du genou est blanche (42,9 %) ; noir (51 %) ou pie noire chez 6,1 % des animaux ; les cornes sont absentes chez 85,7% de la population, les pendeloques sont absents chez la majorité des individus (83,7%), les taches bleues à la langue sont présentes chez 67,3% des individus, la toison est à 69,4% semi-envahissante, le profil céphalique est à 59,2 % busqué et 40,8 % légèrement busqué et les oreilles sont 100 % Tambantes.

**2.1.2.2. Analyse des variables**

L'analyse des variables étudiées sur une représentation graphique a montré que les deux axes présentent respectivement 27,52% et 25,84% de l'inertie totale (**Figure 49**).



**Figure 49. Représentation graphique des variables par Analyse des Correspondances Multiples (ACM)**

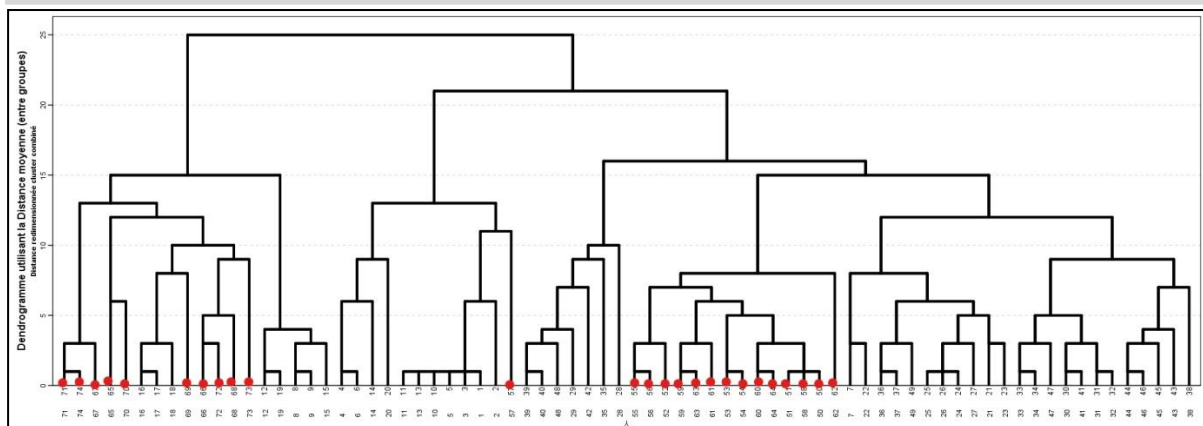
**Axe 1 (27,52 %) :** est représenté par les variables suivantes : couleur du paturon ; couleur de la tête ; couleur genou ; taches bleues à la langue ; profil céphalique.

**Axe 2 (25,84 %) :** est représenté par les variables suivantes : couleur de peau ; toison ; couleur du jarret ; corne et pendeloques.

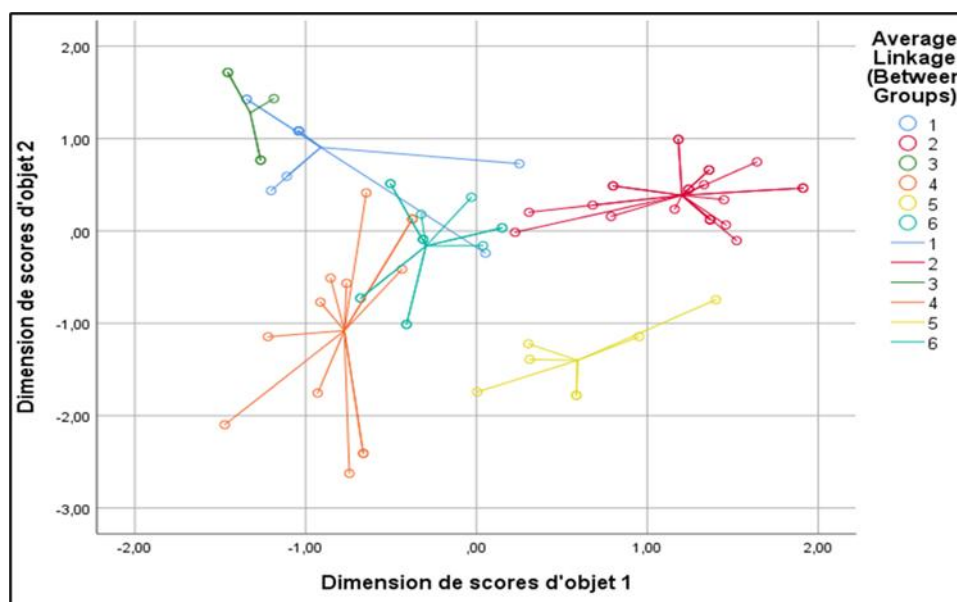
### 2.2.2.3. Analyse des individus

L'arbre hiérarchique et l'analyse ACM ont été établis entre classes chez tous les individus de deux populations ovines (Figures 50 et 51).

## RESULTATS ET INTERPRETATION



**Figure 50. Arbre hiérarchique utilisant la distance moyenne (entre classes) chez les animaux étudiés**



**Figure 51. Présentation des individus par ACM**

L'arbre hiérarchique et l'analyse ACM ont montré six classes de tous les individus ce qui explique la présence d'hétérogénéité phénotypique entre les individus dans les deux populations ovines étudiées. Ces résultats sont présentés dans le tableau 22.

**Tableau 22. Caractéristiques des classes déterminées par l'analyse ACM**

| Classe             |       | 1             | 2             | 3         | 4         | 5            | 6             |
|--------------------|-------|---------------|---------------|-----------|-----------|--------------|---------------|
| N                  |       | 12            | 23            | 05        | 13        | 07           | 14            |
| Couleur de la tête | Noir  | 11<br>(29.7%) | 5<br>(13.5%)  | 0<br>(0%) | 0<br>(0%) | 7<br>(18.9%) | 14<br>(37.8%) |
|                    | Blanc | 1<br>(5.3%)   | 18<br>(94.7%) | 0<br>(0%) | 0<br>(0%) | 0<br>(0%)    | 0<br>(0%)     |

**RESULTATS ET INTERPRETATION**

|                                    |                   |               |               |              |               |              |               |
|------------------------------------|-------------------|---------------|---------------|--------------|---------------|--------------|---------------|
|                                    | Tricolore         | 0<br>(0%)     | 0<br>(0%)     | 2<br>(13.3%) | 13<br>(86.7%) | 0<br>(0%)    | 0<br>(0%)     |
|                                    | Rousse et Noir    | 0<br>(0%)     | 0<br>(0%)     | 3<br>(100%)  | 0<br>(0%)     | 0<br>(0%)    | 0<br>(0%)     |
| <b>Couleur de la peau</b>          | Blanc             | 11<br>(19%)   | 23<br>(39.7%) | 5<br>(8.6%)  | 5<br>(8.6%)   | 0<br>(0%)    | 14<br>(24.1%) |
|                                    | Pigmentée         | 1<br>(6.3%)   | 0<br>(0%)     | 0<br>(0%)    | 8<br>(50%)    | 7<br>(43.8%) | 0<br>(0%)     |
| <b>Couleur de jarret</b>           | Blanc             | 10<br>(22.2%) | 11<br>(24.4%) | 4<br>(8.9%)  | 8<br>(17.8%)  | 1<br>(2.2%)  | 11<br>(24.4%) |
|                                    | Noir              | 2<br>(6.9%)   | 12<br>(41.4)  | 1<br>(3.4%)  | 5<br>(17.2%)  | 6<br>(20.7%) | 3<br>(10.3%)  |
| <b>Couleur de paturon</b>          | Blanc             | 0<br>(0%)     | 23<br>(56.1%) | 0<br>(0%)    | 6<br>(14.6%)  | 2<br>(4.9%)  | 10<br>(24.4%) |
|                                    | Noir              | 1<br>(5.9%)   | 0<br>(0%)     | 0<br>(0%)    | 7<br>(41.2%)  | 5<br>(29.4%) | 4<br>(23.5%)  |
|                                    | Pie noir          | 11<br>(68.8%) | 0<br>(0%)     | 5<br>(31.3%) | 0<br>(0%)     | 0<br>(0%)    | 0<br>(0%)     |
| <b>Couleur de genou</b>            | Blanc             | 7<br>(16.7%)  | 6<br>(14.3%)  | 5<br>(11.9%) | 10<br>(23.8%) | 0<br>(0%)    | 14<br>(33.3%) |
|                                    | Noir              | 2<br>(6.9%)   | 17<br>(58.6%) | 0<br>(0%)    | 3<br>(10.3%)  | 7<br>(24.1%) | 0<br>(0%)     |
|                                    | Pie noir          | 3<br>(100%)   | 0<br>(0%)     | 0<br>(0%)    | 0<br>(0%)     | 0<br>(0%)    | 0<br>(0%)     |
| <b>Cornes</b>                      | Présence          | 1<br>(5.3%)   | 2<br>(10.5%)  | 0<br>(0%)    | 1<br>(5.3%)   | 4<br>(21.1%) | 11<br>(57.9%) |
|                                    | Absence           | 11<br>(20.0%) | 21<br>(38.2%) | 5<br>(9.1%)  | 12<br>(21.8%) | 3<br>(5.5%)  | 3<br>(5.5%)   |
| <b>Pendeloques</b>                 | Présence          | 2<br>(7.4%)   | 6<br>(22.2%)  | 0<br>(0%)    | 5<br>(18.5%)  | 1<br>(3.7%)  | 13<br>(48.1%) |
|                                    | Absence           | 10<br>(21.3%) | 17<br>(36.2%) | 5<br>(10.6%) | 8<br>(17%)    | 6<br>(12.8%) | 1<br>(2.1%)   |
| <b>Taches blanches à la langue</b> | Présence          | 11<br>(21.2%) | 8<br>(15.4%)  | 5<br>(9.6%)  | 11<br>(21.2%) | 6<br>(11.5%) | 11<br>(21.2%) |
|                                    | Absence           | 1<br>(4.5%)   | 15<br>(68.2%) | 0<br>(0%)    | 2<br>(9.1%)   | 1<br>(4.5%)  | 3<br>(13.6%)  |
| <b>Toison</b>                      | Envahissante      | 0<br>(0%)     | 9<br>(33.3%)  | 0<br>(0%)    | 1<br>(3.7%)   | 6<br>(22.2%) | 11<br>(40.7%) |
|                                    | Semi-envahissante | 12<br>(29.3%) | 14<br>(34.1%) | 5<br>(12.2%) | 6<br>(14.6%)  | 1<br>(2.4%)  | 3<br>(7.3%)   |
|                                    | Non envahissante  | 0<br>(0%)     | 0<br>(0%)     | 0<br>(0%)    | 6<br>(100%)   | 0<br>(0%)    | 0<br>(0%)     |
| <b>Profil céphalique</b>           | Busqué            | 12<br>(22.2%) | 9<br>(16.7%)  | 5<br>(9.3%)  | 13<br>(24.1%) | 1<br>(1.9%)  | 14<br>(25.9%) |
|                                    | Légèrement busqué | 0<br>(0%)     | 14<br>(70%)   | 0<br>(0%)    | 0<br>(0%)     | 6<br>(30%)   | 0<br>(0%)     |



De ce tableau (Tableau 22). Il y avait:

**Classe 01 :** Les animaux de cette classe (12 individus) présentaient une tête noire pour 29,7% de la population totale, leur peau (19,0%) est blanche, leur jarret et leurs genoux sont blancs et le paturon est noir pie. Les animaux de cette classe n'ont ni cornes ni pendeloques ; ils présentent des taches bleues à la langue avec une toison semi-envahissante et un profil céphalique busqué.

**Classe 02 :** Les animaux de cette classe (23 individus) ont une tête et une peau blanches avec des paturons blancs et des jarrets et genoux noirs. Les cornes sont absentes dans la majorité de cette classe avec absence de pendeloques et de taches bleues sur la langue qui est le caractère dominant de la population totale (68,2%) avec un profil céphalique légèrement busqué (70,0%). la toison de ces animaux est soit envahissante (33,3 %) soit semi-envahissante (34,1 %).

**Classe 03 :** Les animaux de cette classe (05 individus) ont une tête rouge et noire (100% de la population) ou un tricolore (13,3%) à peau blanche ; genoux et jarrets blancs et paturon pie noir. Ces animaux sont sans cornes et sans pendeloques mais ils ont des taches bleues à la langue. La toison est semi-envahissante et ils ont des profils céphaliques busqués.

**Classe 04 :** Les animaux de cette classe (13 individus) ont une tête tricolore (86,7% des individus) ; peau pigmentée (50,0%) ; genou, paturon et jarret blancs ou noirs sans cornes. Les pendeloques sont présentes (21,1%) ou absentes mais les taches bleues à la langue sont présentes. Le profil céphalique est busqué et la toison est semi-envahissante.

**Classe 05 :** Les animaux de cette classe (07 individus) ont une tête noire (18,9%), une peau pigmentée (43,8%) ; jarret noir (20,7 %), paturon noir (29,4 %) et genou noir (24,1 %). Les cornes sont présentes ou absentes, les taches bleues à la langue sont présentes (11,5%) mais les pendeloques sont absentes (12,8%). Ces animaux ont un profil céphalique légèrement busqué (30 %) et une toison envahissante (22,2 %).

**Classe 06 :** Les animaux de cette classe (14 individus, tous font partie de la population Tazegzawt) ont une tête noire (37,8% des individus), une peau blanche, un jarret, un paturon et un genou blancs, un profil céphalique crochu et une toison envahissante, taches bleue à la langue et pendeloques sont présents. 57,9 % des animaux de cette classe ont des cornes.



## 2.1. Caractérisation phénotypique de deux populations ovines D'man Adrar et D'man Saoura

### 2.2.1. Variation des individus selon les caractères quantitatifs

#### 2.2.1.1. Variation des mensurations selon la population

Les résultats selon les mensurations par population (D'man Adrar et D'man Saoura) ont été présentés dans le tableau 23.

**Tableau 23. Les mensurations corporelles selon la population**

|       | D'man Adrar | D'man Saoura | P   |
|-------|-------------|--------------|-----|
| N     | 29          | 37           |     |
| HG    | 74,03±5,46  | 77,49±4,86   | *   |
| TP    | 80,03±8,27  | 81,35±7,12   | Ns  |
| LSI   | 68,69±5,81  | 71,49±6,09   | Ns  |
| LH    | 13,21±1,63  | 15,24±1,40   | *** |
| LB    | 22,69±2,48  | 23,39±1,81   | Ns  |
| Lisch | 9,81±1,20   | 9,24±1,07    | *   |
| Ltro  | 17,16±2,56  | 19,96±1,08   | *** |
| LE    | 15,36±1,09  | 15,86±1,08   | Ns  |
| TL    | 22,71±2,45  | 15,64±1,11   | Ns  |
| tla   | 11,21±1,49  | 12,59±1,24   | *** |
| OL    | 13,28±1,19  | 13,82±1,75   | Ns  |
| ola   | 6,29±0,47   | 6,70±0,64    | **  |
| HP    | 25,79±3,70  | 27,86±2,89   | *   |
| HS    | 74,07±5,24  | 76,46±4,74   | Ns  |
| HD    | 71,69±5,39  | 75,11±4,75   | **  |
| Pc    | 7,09±0,66   | 7,27±0,55    | Ns  |

\* Significative à 0,05, \*\*Significative à 0,01, \*\*\*significative à 0,001, ns : non significative, Hauteur au garrot (HG), Tour droit de poitrine (TP), Longueur scapulo-ischiale, Largeur aux hanches (LH), Longueur du bassin (LB), Largeur entre les ischions (Lisch), Largeur aux trochanters (Ltro), Largeur aux épaules (LE), Longueur de la tête (TL), Largeur de la tête (tla), Longueur de l'oreille (OL), Largeur de l'oreille (ola), Profondeur de poitrine ou Hauteur de poitrine (HP), Hauteur au sacrum, Hauteur au dos, Périmètre du canon (Pc).

## RESULTATS ET INTERPRETATION

On observe des différences très hautement significatives à 0,001 pour la largeur aux hanches (LH), la largeur de la tête (tla) et la largeur aux trochanters (Ltro) ( $P < 0,001$ ), hautement significative à 0,01 pour les mesures biométriques concernant la largeur des oreilles (ola) et la hauteur au dos (HD) ( $P < 0,01$ ), et significatives à 0,05 pour la hauteur au garrot (HG), la largeur aux ischions (Lisch) et la profondeur de la poitrine ou hauteur de la poitrine (HP) ( $P < 0,05$ ). Ce qui implique une diversité phénotypique entre les animaux des deux populations de la race ovine étudiée.

Cela montre aussi que les animaux D'man Saoura sont plus hauts (HG :  $77,49 \pm 4,86$  cm ; HP :  $27,86 \pm 2,89$  cm ; HD :  $75,11 \pm 4,75$  cm), plus larges et plus développés en arrière (LH :  $15,24 \pm 1,40$  cm, Ltro :  $19,96 \pm 1,08$  cm) et moins larges aux ischions ( $9,24 \pm 1,07$  cm), ils ont une tête et des oreilles plus larges (tla :  $12,59 \pm 1,24$  cm ; ol :  $6,70 \pm 0,64$  cm) par rapport à la population D'man Adrar.

Par contre, il n'y a pas des différences significatives pour le tour de poitrine (TP), la longueur scapulo-ischiale (LSI), la longueur du bassin (LB), la longueur de la tête (TL), la longueur de l'oreille (oL), la hauteur au sacrum (HS) et le périmètre du canon (Pc) chez les deux races ovines étudiées. Il indique qu'il n'existe pas une diversité de longueur du corps, du bassin, de la tête et de l'oreille, ainsi que pour la hauteur au sacrum et le périmètre du canon chez la race D'man Saoura et la race D'man Adrar.

### 2.2.1.2. Variation des mensurations le sexe

Les mensurations corporelles étudiées chez les deux sexes (mâles et femelles) des deux populations ovines étudiées sont reportés dans le tableau 24.

**Tableau 24. Variations des variables selon le sexe de chaque population**

|            | D'man Adrar      |                  |    | D'man Saoura     |                  |    |
|------------|------------------|------------------|----|------------------|------------------|----|
|            | Mâles            | Femelles         | P  | Mâles            | Femelles         | P  |
| <b>HG</b>  | $77 \pm 5,45$    | $73,09 \pm 5,24$ | ns | $79,69 \pm 5,84$ | $76,29 \pm 3,86$ | *  |
| <b>TP</b>  | $83,29 \pm 8,79$ | $79,00 \pm 8,04$ | ns | $81,77 \pm 7,96$ | $81,13 \pm 6,80$ | ns |
| <b>LSI</b> | $67,00 \pm 5,57$ | $69,23 \pm 5,90$ | ns | $71,46 \pm 5,35$ | $71,50 \pm 6,57$ | ns |

## RESULTATS ET INTERPRETATION

|              |             |             |     |             |             |    |
|--------------|-------------|-------------|-----|-------------|-------------|----|
| <b>LH</b>    | 13,29± 1,38 | 13,18± 1,74 | ns  | 15,23± 0,93 | 15,25± 1,62 | ns |
| <b>LB</b>    | 24,14± 2,41 | 22,23± 2,37 | ns  | 24,50± 1,66 | 22,79± 1,61 | ** |
| <b>Lisch</b> | 9,86±1,35   | 9,80±1,18   | ns  | 9,04±1,01   | 9,35±1,11   | ns |
| <b>Ltro</b>  | 18,29± 1,98 | 16,80± 2,66 | ns  | 20,08±1,19  | 19,90± 1,04 | ns |
| <b>LE</b>    | 15,86± 0,90 | 15,20± 1,12 | ns  | 15,85± 1,34 | 15,85± 1,34 | ns |
| <b>TL</b>    | 23,86± 2,48 | 22,34± 2,38 | ns  | 23,15± 2,54 | 23,00± 1,64 | ns |
| <b>Tla</b>   | 13,14± 0,90 | 10,59± 1,04 | *** | 13,08± 1,32 | 12,33± 1,13 | ns |
| <b>OL</b>    | 12,71± 0,95 | 13,45± 1,22 | ns  | 14,00± 1,87 | 13,73± 1,71 | ns |
| <b>Ola</b>   | 6,14±0,38   | 6,34±0,50   | ns  | 6,62±0,62   | 6,75± 0,66  | ns |
| <b>HP</b>    | 28,29± 3,45 | 25,00± 3,48 | *   | 28,46± 4,03 | 27,54± 2,06 | ns |
| <b>HS</b>    | 75,86± 5,70 | 73,50± 5,10 | ns  | 78,54± 5,72 | 75,33± 3,78 | *  |
| <b>HD</b>    | 74,57± 5,47 | 70,77± 5,15 | ns  | 77,08± 5,72 | 74,04±3,86  | ns |
| <b>Pc</b>    | 7,71±0,49   | 6,89±0,58   | **  | 7,38±0,65   | 7,21±0,49   | ns |

\* Significative à 0,05, \*\* Significative à 0,01, \*\*\*significative à 0,001, ns : non significative, Hauteur au garrot (HG), Tour droit de

poitrine (TP), Longueur scapulo-ischiale, ), Largeur aux hanches (LH), Longueur du bassin (LB), Largeur entre les ischions (Lisch),

Largeur aux trochanters (Ltro), Largeur aux épaules (LE), Longueur de la tête (TL), Largeur de la tête (tla), Longueur de l'oreille (OL),

Largeur de l'oreille (ola), Profondeur de poitrine ou Hauteur de poitrine (HP), Hauteur au sacrum, Hauteur au dos, Périmètre du canon

(Pc).

Le sexe des animaux n'a pas d'effet discriminant ( $P > 0,05$ ) pour les mesures baryométriques entre mâles et femelles de chaque population étudiée.

Il a été remarqué que les mâles de D'man Adrar ont une tête plus grosse, une poitrine plus développée ( $p < 0,05$ ) et un périmètre du canon bien développé ( $P < 0,01$ ) ce qui explique pourquoi les mâles ont une ossature épaisse par rapport aux femelles.

Tandis que les mâles de D'man Saoura sont plus grands avec un bassin plus développé ( $P < 0,01$ ) par rapport aux femelles.

**3.3.3.1. Variation des individus selon les mensurations**

✓ **Analyse des variables**

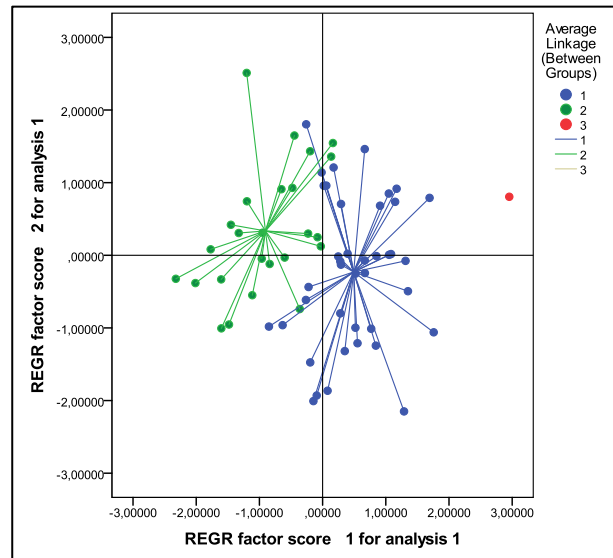
Une analyse en composante principale (ACP) a été utilisée en retenant les variables suivantes : HG, TP, LSI, LH, LB, Lisch, Ltro, LE, TL, tla, OL, ola, HP, HS, HD, Pc. La part cumulée d'informations restituées dans ce cas est de 69,864%.

**L'axe 01(58,291%)** : est représenté par les variables suivantes : HG, TP, LSI, LH, HP.

**L'axe 02 (11,573%)** : est représenté par les variables suivantes : Pc, LE.

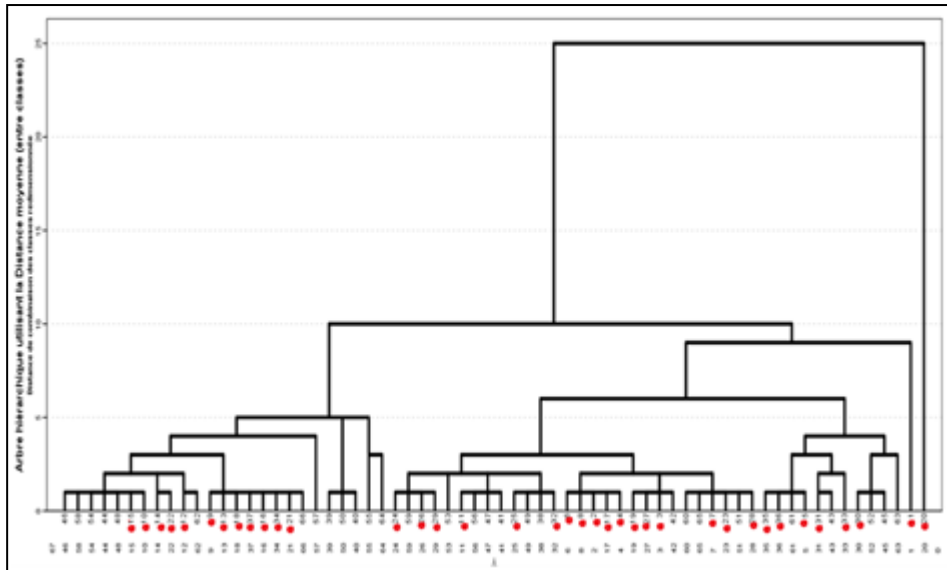
✓ **Analyse des individus**

L'analyse en composante principale : ACP a permis de déterminer globalement deux classes. Une troisième classe est représentée par un outlayer (Figure 52 et 53).



**Figure 52. Présentation des individus de la population ovine étudiée**

## RESULTATS ET INTERPRETATION



**Figure 53. Arbre hiérarchique utilisant la distance moyenne (entre les classes) chez les animaux étudiés en fonction des mesures corporelles**

La classification des animaux de la population ovine étudiée par ACP est reportée dans le tableau 25.

**Tableau 25. Classification des animaux de la population ovine étudiée par ACP**

|            | <b>Classe 1</b> | <b>Classe 2</b> | <b>Classe 3</b> |
|------------|-----------------|-----------------|-----------------|
| <b>N</b>   | 40              | 25              | 01              |
| <b>HG</b>  | 78,35±3,87      | 71,60±4,04      | 90              |
| <b>TP</b>  | 85,05±4,92      | 73,16±3,39      | 100             |
| <b>LSI</b> | 73,05±5,11      | 65,40±4,04      | 80              |
| <b>LH</b>  | 15,08±1,44      | 13,08±1,63      | 17              |
| <b>LE</b>  | 15,79±1,08      | 15,32±1,03      | 18              |
| <b>HP</b>  | 27,90±2,65      | 24,92±2,66      | 40              |
| <b>Pc</b>  | 7,36±0,53       | 06,88±0,58      | 08              |

*Hauteur au garrot (HG), Tour droit de poitrine (TP), Longueur scapulo-ischiale (LSI), Largeur aux hanches (LH), Longueur du bassin (LB), Largeur entre les ischions (Lisch), Largeur aux trochanters (Ltro), Largeur aux épaules (LE), Longueur de la tête (TL), Largeur de la tête (tla), Longueur de l'oreille (OL), Largeur de l'oreille (ola), Profondeur de poitrine ou Hauteur de poitrine (HP), Hauteur au sacrum, Hauteur au dos, Périmètre du canon (Pc).*

## *RESULTATS ET INTERPRETATION*

**Classe 01 :** Les animaux de cette classe (40 individus : 25 D'man Saoura et 15 D'man Adrar) constituent la majorité de la population étudiée, ils sont plus hauts (HG :  $78,35 \pm 3,87$  cm), plus longilignes (LSI :  $73,05 \pm 5,11$  cm) et plus développés en avant par rapport aux autres classes (LE :  $15,79 \pm 1,08$  cm) avec un périmètre thoracique très développé (TP :  $85,05 \pm 4,92$  cm, HP :  $27,90 \pm 2,65$  cm), un bassin plus large (LH :  $15,08 \pm 1,44$  cm) et une ossature assez importante (Pc :  $7,36 \pm 0,53$  cm)(tableau 25).

**Classe 02 :** Les animaux de cette classe (25 individus : 12 de D'man Saoura et 13 individus de D'man d'Adrar) sont moins hauts (HG :  $71,60 \pm 4,04$  cm), moins longilignes (LSI :  $65,40 \pm 4,04$  cm), moins développés en avant par rapport aux autres classes (LE :  $15,32 \pm 1,03$  cm) avec une ossature fine (Pc :  $6,88 \pm 0,58$  cm), un périmètre thoracique moins développé (TP :  $73,16 \pm 3,39$  cm, HP :  $24,92 \pm 2,66$  cm) et un bassin étroit (LH :  $13,08 \pm 1,63$  cm) (tableau 25).

**Classe 03 :** L'animal de cette classe (01 individu Saoura (Bechar)) est un animal très développé par rapport aux autres animaux, cet animal est le plus performant (tableau 25). Il présente des critères supérieurs à ceux de la première et la deuxième classe et peut être pris en considération dans un éventuel programme d'amélioration de la production.

### **2.2.2. Etude des animaux selon les indices zootechniques**

Le tableau 26 montre les indices zootechniques de la race D'man (moyenne et écart-type) et la variation de ces derniers selon les populations de cette race (D'man Adrar et D'man Saoura)



Tableau 26. Variations des indices zootechniques

| N   | Total     |             | D'man Adrar | D'man Saoura | P   |
|-----|-----------|-------------|-------------|--------------|-----|
|     |           |             | 29          | 37           |     |
| CI  | 0,50±0,06 | tla/tL      | 0,52±0,01   | 0,55±0,05    | *** |
| BI  | 0,86±0,07 | LSI/TP      | 0,87±0,01   | 0,88±0,07    | ns  |
| LI  | 0,93±0,07 | LSI/HG      | 0,93±0,01   | 0,92±0,07    | ns  |
| DT  | 0,35±0,04 | HP/HG       | 0,35±0,00   | 0,36±0,03    | ns  |
| WS  | 0,86±0,09 | LH/LE       | 0,92±0,01   | 0,96±0,11    | *** |
| TD  | 1,08±0,06 | TP/HG       | 1,06±0,01   | 1,05±0,07    | ns  |
| DTI | 8,89±0,64 | (Pc/TP)*100 | 8,94±0,09   | 8,98±0,82    | ns  |

*Cephalic index (CI), Body index (BI), Length index (LI), Relate depth of thorax (DT), Width slope (WS), Thoracic development (TD),*

*Dactylo-thoracic index (DTI).*

Il n'existe pas de différence des indices zootechniques entre les deux populations D'man étudiées ( $p > 0.05$ ) sauf pour l'indice céphalique (CI) et l'indice de largeur (WS) qui présentent des différences très hautement significatives ( $p < 0.001$ ).

L'indice céphalique (IC=  $0.52 \pm 0.01$ ) chez les animaux de D'man montre que la tête est plus longue que large avec une différence significative entre les deux populations ( $p < 0.001$ ). Chez les animaux D'man Adrar la largeur de la tête égale la moitié de sa longueur ( $0,50 \pm 0,06$ ).

L'indice corporel (BI) est de  $0,87 \pm 0,01$  avec une variation entre  $0,88 \pm 0,07$  chez les animaux D'man Saoura et  $0,86 \pm 0,07$  chez les animaux D'man Adrar.

L'indice de la largeur (WS) qui est de  $0,92 \pm 0,01$  en moyenne montre que cette race est un peu développée en avant car la largeur aux épaules est supérieure à la largeur aux hanches avec une très grande différence entre les deux populations ( $p < 0.001$ ), les animaux D'man Adrar sont très développés en avant ( $0,86 \pm 0,09$ ).

## RESULTATS ET INTERPRETATION

Le développement thoracique (TD) est de  $1,06 \pm 0,01$  en moyenne et l'indice dactylo-thoracique (IDT) est en moyenne de  $8.94 \pm 0.09$ .

### 2.2.3. Variation des individus selon les caractères qualitatifs

Les populations étudiées présentent des caractéristiques phénotypiques spécifiques (**Tableau 27**) ; couleur de la tête, type de toison, absence de cornes et de Pendeloques, Ports des oreilles et la queue.

**Tableau 27. Analyse descriptive des traits qualitatifs dans les deux populations**

| Caractères          | D'man Adrar                                | D'man Saoura            |
|---------------------|--|-------------------------|
| Couleur de la tête  | Noir avec taches blanches<br>(86.21%)      | Noir<br>(97%)           |
|                     | Rousse avec taches blanches (3.45%)        | Rousse<br>(3%)          |
|                     | Roussehead avec taches blanche<br>(10.34%) |                         |
| Couleur de jarret   | Noir<br>(62.07%)                           | Noir<br>(94.6%)         |
|                     | Rousse et blanc<br>(3.45%)                 | Noir et blanc<br>(2.7%) |
|                     | Blanc<br>(3.45%)                           | Blanc<br>(2.7%)         |
|                     | Noir et blanc<br>(10.34%)                  |                         |
|                     | Noir et dos blanc<br>(10.34%)              |                         |
|                     | Rousse<br>(10.34%)                         |                         |
| Couleur de la laine | Noir<br>(72.41%)                           | Noir<br>(97%)           |
|                     | Rousse et noir<br>(3.45%)                  | Rousse<br>(3%)          |
|                     | Noir et blanc<br>(13.79%)                  |                         |
|                     | Rousse<br>(10.34%)                         |                         |
| Toison              | Poil (20.69%)                              | Poil (8%)               |
|                     | Laine<br>(79.31%)                          | Laine<br>(92%)          |
| Cornes              | Absence<br>(97%)                           | Absence<br>(97%)        |
|                     | Présence<br>(3%)                           | Présence<br>(3%)        |
| Port des oreilles   | Tambante<br>(100%)                         | Tambante<br>(100%)      |
| Pendeloques         | Absence                                    | Absence                 |

## RESULTATS ET INTERPRETATION

|          |                                      |   |
|----------|--------------------------------------|---|
|          | (100%)                               | (100%)                                  |
|          | Présence<br>(0%)                     | Présence<br>(0%)                        |
| La queue | Longue avec extrémité blanche (100%) | Longue avec extrémité blanche<br>(100%) |

L'existence de taches blanches sur la tête des animaux de la population D'man Adrar est un critère majeur dans cette population et fait la différence entre les deux populations.

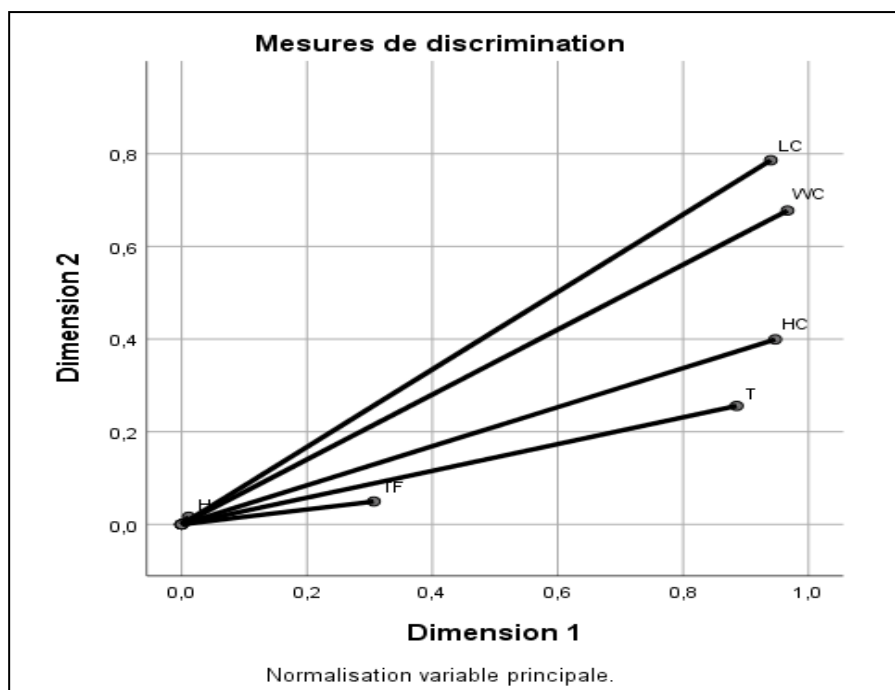
La couleur de la laine et des pattes varie selon les populations. La couleur noire est la couleur dominante chez les animaux D'man de Saoura, tandis que les animaux D'man d'Adrar présentent un mélange de couleurs ; le noir est présent dans ce dernier à 62,07% pour la couleur des membres et 72,41% pour la laine (Tableau 27).

### 2.2.3.1. Analyse des variables

L'analyse des variables étudiées sur une représentation graphique a montré que les deux axes présentent respectivement 67,60% et 36,41% de l'inertie totale (**Figure 54**).

**Axe 1 (67,60%)** : est représenté par la couleur de la tête (HC), la couleur des jambes (LC), la couleur de la laine (WC), le type de toison (TF) et la couleur de la queue (T).

**Axe 2 (36,41%)**: est représenté par les cornes.



**Figure 54. Représentation graphique des variables par ACM**

✓ Analyse des individus

L'arbre hiérarchique et l'analyse ACM ont été établis entre classes chez tous les individus des deux populations ovines (Figure 55) et (Figure 56).

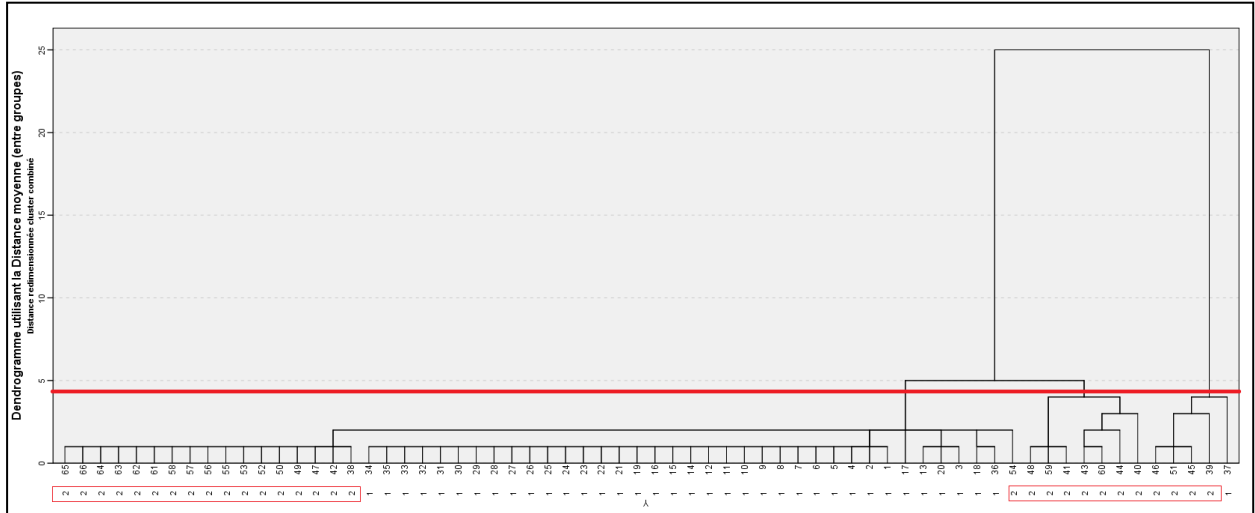


Figure 55. Arbre hiérarchique utilisant la distance moyenne (entre classes) chez les animaux étudiés

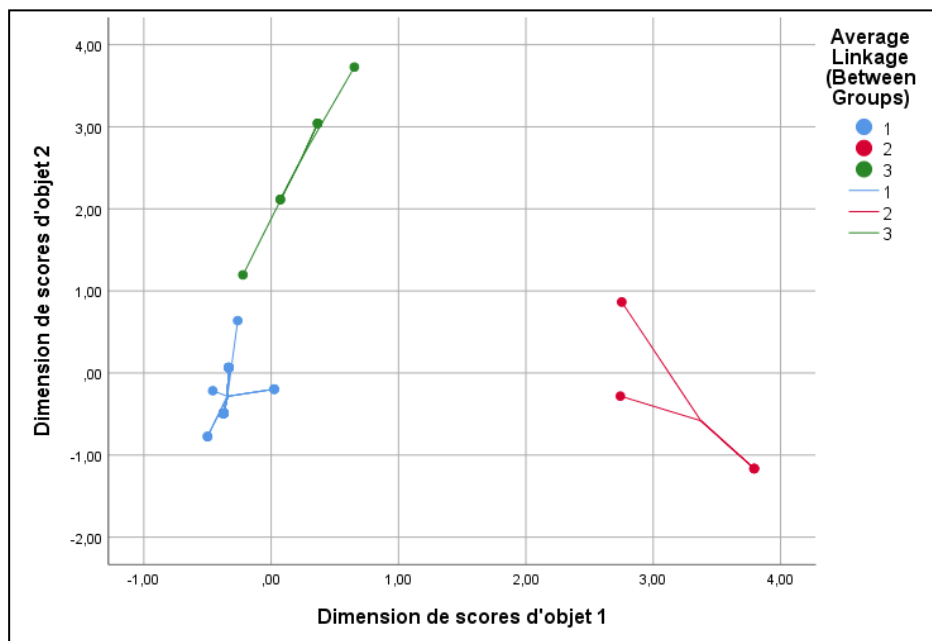


Figure 56. Présentation des individus par ACM

L'arbre hiérarchique et l'analyse ACM ont montré trois classes de tous les individus, ce qui explique la présence d'hétérogénéité phénotypique entre les individus dans les deux populations ovines étudiées. Ces résultats sont présentés dans le tableau 28.

**Tableau 28. Caractéristiques des classes déterminées par l'analyse ACM**

| Classe                     |                                | 1             | 2           | 3            |
|----------------------------|--------------------------------|---------------|-------------|--------------|
| N                          |                                |               |             |              |
| <b>Couleur de la tête</b>  | Noir                           | 36<br>(66.7%) | 0<br>(0%)   | 0<br>(0%)    |
|                            | Noir avec des taches blanches  | 18<br>(33.3%) | 0<br>0%     | 7<br>100%    |
|                            | Rousse                         | 0<br>(0%)     | 1<br>(20%)  | 0<br>(0%)    |
|                            | Rousse avec des taches blanche | 0<br>(0%)     | 4<br>(80%)  | 0<br>(0%)    |
| <b>Couleur des membres</b> | Noir                           | 53<br>(98.1%) | 0<br>(0%)   | 0<br>(0%)    |
|                            | Noir et blanc                  | 1<br>(1.9%)   | 0<br>(0%)   | 6<br>(85.7%) |
|                            | Blanc                          | 0<br>(0%)     | 1<br>(20%)  | 1<br>(14.3%) |
|                            | Rousse                         | 0<br>(0%)     | 4<br>(80%)  | 0<br>(0%)    |
| <b>Couleur de toison</b>   | Noir                           | 54<br>(100%)  | 0<br>(0%)   | 3<br>(42.9%) |
|                            | Noir et blanc                  | 0<br>(0%)     | 0<br>(0%)   | 4<br>(57.1%) |
|                            | Rousse                         | 0<br>(0%)     | 5<br>(100%) | 0<br>(0%)    |
| <b>Type de toison</b>      | Poilu                          | 51<br>(94.4%) | 2<br>(40%)  | 4<br>(57.1%) |
|                            | Laineux                        | 3<br>(5.6%)   | 3<br>(60%)  | 3<br>(42.9%) |
| <b>Cornes</b>              | Présence                       | 3<br>(5.6%)   | 0<br>(0%)   | 0<br>(0%)    |
|                            | Absence                        | 51<br>(94.4%) | 5<br>(100%) | 7<br>(100%)  |
| <b>Couleur de la queue</b> | Noir et blanc                  | 54            | 0           | 4            |

## RESULTATS ET INTERPRETATION

|  |                 |           |            |              |
|--|-----------------|-----------|------------|--------------|
|  |                 | (100%)    | (0%)       | (57.1%)      |
|  | Blanc           | 0<br>(0%) | 1<br>(20%) | 3<br>(42.9%) |
|  | Rousse et blanc | 0<br>(0%) | 4<br>(80%) | 0<br>(0%)    |

Du tableau 28. Il y avait :

**Classe 01 :** Les animaux de cette classe (54 individus) ont la tête noire (66,7%) de la population totale, avec la couleur des pattes noires (98,1%), la laine noire (100%), la toison de type poilu (94,4%), l'absence de cornes (100%) et queue noire et extrémité blanche (100%).

**Classe 02 :** Les animaux de cette classe (05 individus) ont une tête rousse à tache blanche (80%) de la population totale, avec la couleur des pattes rouge (80%), la laine rouge (100%), la toison de type laineux (60%) absence des cornes (94,4%) et queue rouge et extrémité blanche (80%).

**Classe 03 :** Les animaux de cette classe (07 individus) ont une tête rousse à taches blanches (100%) de la population totale, avec la couleur des pattes noir et blanc (85,7%), la laine noire et blanche (57,1%), toison de type poilu (57,1 %), absence de cornes (100 %) et les animaux de cette classe ont une queue noire et extrémité blanche (57,1 %).

### 2.2.3. Etude des animaux selon l'indice de diversité

L'étude des animaux selon l'indice de diversité de Shannon et Weaver H' de chaque caractère quantitatif a permis de montrer dans les différentes régions (**Tableau 29**).

**Tableau 29. Indice de diversité de Shannon et Weaver H' de chaque caractère quantitatif étudiée dans les différentes régions**

| Variable     | Région |        | Moyenne |
|--------------|--------|--------|---------|
|              | Adrar  | Bechar |         |
| <b>HG</b>    | 0.231  | 0.242  | 0.236   |
| <b>TP</b>    | 0.256  | 0.246  | 0.251   |
| <b>LSI</b>   | 0.226  | 0.024  | 0.125   |
| <b>LH</b>    | 0.198  | 0.023  | 0.110   |
| <b>LB</b>    | 0.197  | 0.023  | 0.110   |
| <b>Lisch</b> | 0.242  | 0.032  | 0.137   |

## RESULTATS ET INTERPRETATION

|                |              |              |              |
|----------------|--------------|--------------|--------------|
| <b>Ltro</b>    | 0.575        | 0.03         | 0.302        |
| <b>LE</b>      | 0.241        | 0.024        | 0.132        |
| <b>TL</b>      | 0.236        | 0.243        | 0.239        |
| <b>TI</b>      | 0.233        | 0.323        | 0.278        |
| <b>OL</b>      | 0.241        | 0.247        | 0.244        |
| <b>OI</b>      | 0.188        | 0.223        | 0.205        |
| <b>HP</b>      | 0.231        | 0.242        | 0.236        |
| <b>HS</b>      | 0.241        | 0.246        | 0.243        |
| <b>HD</b>      | 0.041        | 0.249        | 0.145        |
| <b>Pc</b>      | 0.212        | 0.234        | 0.223        |
| <b>Moyenne</b> | <b>0.237</b> | <b>0.166</b> | <b>0.201</b> |

*Hauteur au garrot (HG), Tour droit de poitrine (TP), Longueur scapulo-ischial(LSI), Largeur aux hanches (LH), Longueur du bassin*

*(LB), Largeur entre les ischions (Lisch), Largeur aux trochanters (Ltro), Largeur aux épaules (LE), Longueur de la tête (TL), Largeur de la tête (tla), Longueur de l'oreille (OL), Largeur de l'oreille (ola), Profondeur de poitrine ou Hauteur de poitrine (HP), Hauteur au sacrum,*

*Hauteur au dos, Périmètre du canon (Pc).*

L'indice relatif de diversité ( $H'$  moyen) étudiées pour tous les caractères étudiés est de l'ordre de 0,201 chez les deux populations de la race D'man (Tableau 29), reflétant la diversité morphologique de cette collection.

La région de Bechar a présenté un indice de diversité faible de l'ordre de  $H'$  moyen = 0.166 (D'man Saoura), suivie de la région d'Adrar 0.237 (population D'man Adrar). Globalement les indice des deux populations sont faibles et reflète leurs statuts de race en voie de disparition.

2.3. Caractérisation génétique

2.3.1. Caractérisation moléculaire de deux populations EL Ham et Tazegzawt

Les variables de diversité génétique ont été calculés pour chaque population ovine (tableau 30) à l'aide de 15 loci microsatellites.

**Tableau 30. Mesures de la diversité génétique des populations ovines Tazegzawt et EL Ham**

| Population                                 | Tazegzawt |                | EL Ham  |                |
|--|-----------|----------------|---------|----------------|
|  | moyenne   | Ereur standard | moyenne | Ereur standard |
| Nombre moyen d'allèle                      | 13.667    | 0.779          | 5.867   | 0.236          |
| Na Freq. $\geq 5\%$                        | 6.467     | 0.446          | 5.867   | 0.236          |
| Allèles efficace                           | 7.650     | 0.775          | 4.758   | 0.273          |
| Information d'Indice                       | 2.236     | 0.081          | 1.642   | 0.047          |
| No. Allèles privés                         | 8.933     | 0.740          | 1.133   | 0.236          |
| No. Allèles en commun ( $\leq 25\%$ )      | 0.000     | 0.000          | 0.000   | 0.000          |
| No. Allèles en commun ( $\leq 50\%$ )      | 0.000     | 0.000          | 0.000   | 0.000          |
| Hétérozygotie observée ( $H_o$ )           | 0.832     | 0.028          | 0.847   | 0.040          |
| Hétérozygotie attendue ( $H_e$ )           | 0.848     | 0.016          | 0.780   | 0.013          |
| Uhe  | 0.866     | 0.016          | 0.870   | 0.014          |
| $F_{IS}$                                   | 0.037     |                | 0.019   |                |
| Indice de Fixation                         | 0.018     | 0.032          | -0.091  | 0.056          |
| nombre de loci pas dans HWE ( $p < 0.05$ ) | 1         |                | ns      |                |



## RESULTATS ET INTERPRETATION

Les valeurs les plus élevées et les plus basses du nombre d'allèles, d'effectif allèle, de l'indice d'information et du nombre d'allèles privés ont été observées respectivement dans les populations de moutons Tazegzawt et EL Ham. La population ovine Tazegzawt a montré les valeurs les plus élevées en termes d'hétérozygotie moyenne attendue. Il a été déterminé que tous les loci étudiés dans la population ovine EL Ham ne sont pas à l'équilibre HW. Mais ce n'est pas le cas des loci microsatellites de la population ovine Tazegzawt. Toutes les valeurs Fis sont positives, ce qui est un paramètre important pour définir la structure de la population et indiquer la perte d'hétérozygotie, et elles sont respectivement de 0,037 et 0,019 pour les populations Tazegzawt et EL Ham (Tableau 30).

Alors que la distance génétique Nei a été calculée par la matrice de population par paires et les valeurs Fst (Tableau 31). L'affectation de la population ovine El Ham à l'autre population ovine Tazegzawt a été effectuée (Tableau 32).

**Tableau 31. Matrice de population par paires de la distance génétique Nei au-dessus et des valeurs Fst au-dessous de la diagonale**

| <b>Tazegzawt</b> | <b>EL Ham</b> |                  |
|------------------|---------------|------------------|
| 0.042            | 0.000         | <b>EL Ham</b>    |
| 0.000            | 0.479         | <b>Tazegzawt</b> |

**Tableau 32. Résumé des résultats de l'affectation de la population à la population « Intra- population » ou « Inter-population » (avec option d'exclusion)**

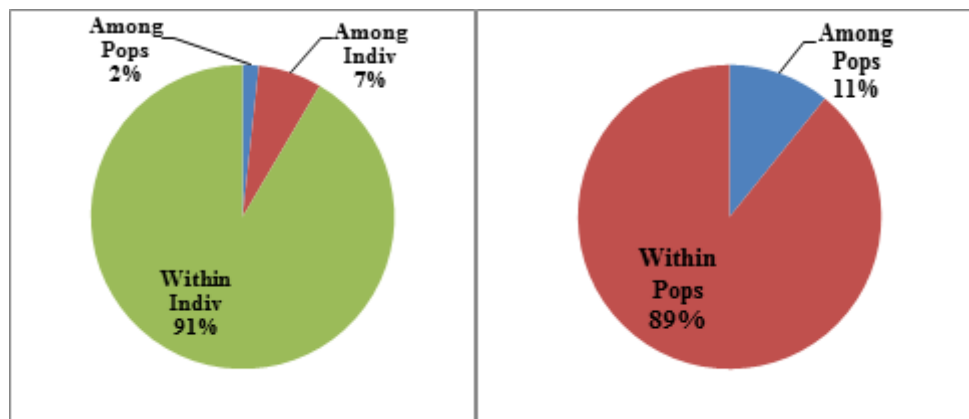
| <b>Population</b>  | <b>Intra Pop</b> | <b>Inter Pop</b> |
|--------------------|------------------|------------------|
| <b>Tazegzawt</b>   | 25               |                  |
| <b>EL Ham</b>      | 3                | 2                |
| <b>Total</b>       | 28               | 2                |
| <b>Pourcentage</b> | <b>93%</b>       | <b>7%</b>        |

Le classement de la diversité globale de toutes les populations ovines dans la présente étude a été réalisé par AMOVA et Shannon Information (sH) (Figure 57 A et B). Le résultat a

## RESULTATS ET INTERPRETATION

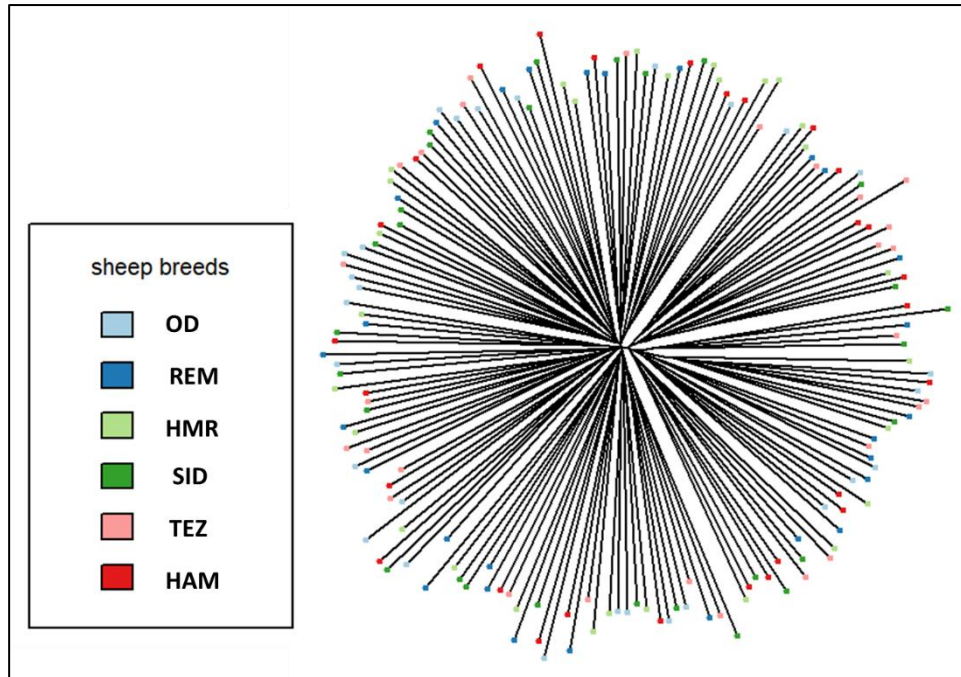
montré que le pourcentage de variation entre les populations obtenues est de 7% et entre les individus au sein de ces groupes. Il est de 2% par contre. La grande variation est enregistrée au sein des individus, elle est de 91 %. Ce résultat signifie que la diversité globale est principalement due à la diversité entre les individus plutôt qu'au sein des populations. L'information de Shannon (sH) dont la variation est intra- et non inter-populations le montre également.

Le tableau 32 montre qu'il existe une distance génétique moyenne entre les deux races étudiées, ainsi qu'une légère différenciation illustrée par la valeur  $F_{st}$  autour de 4,2 %.



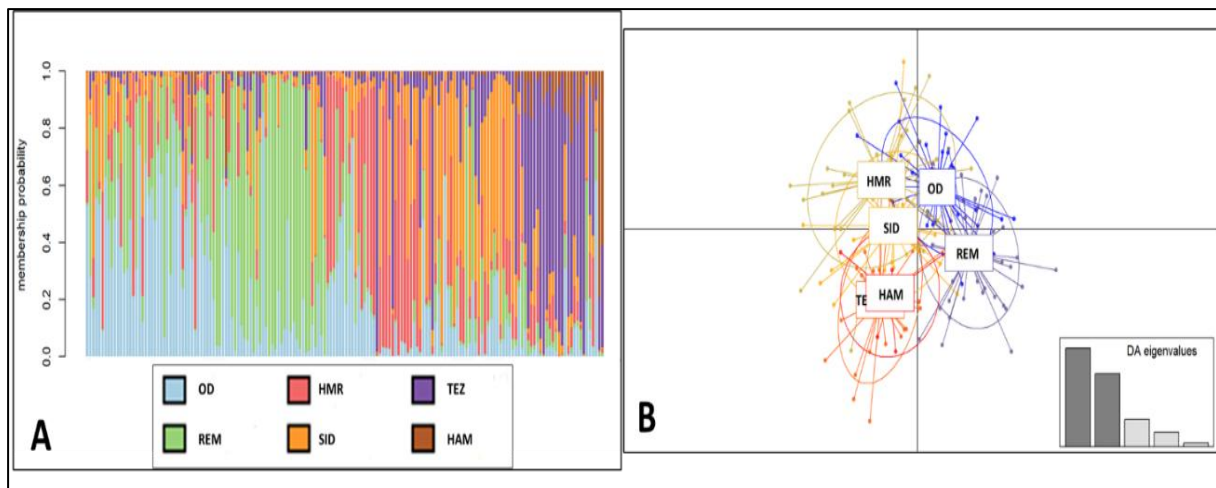
**Figure 57. A. B. informations Shanon sur la diversité (sH) à l'aide de 15 microsatellites dans les populations ovines étudiées**

La figure 58 représente la relation phylogénétique individuelle chez les ovins



**Figure 58. Relations phylogénétiques individuels chez les ovins selon les génotypes microsatellites. Les parcelles représentent des individus. OD : Ouled Djellal, REM : Rembi, HMR : Hamra, SID : Sidaou, HAM : EL Ham, TEZ : Tazegzawt.**

Les diagrammes de dispersion DAPC (figure 59B) et l'appartenance au barplot (figure 59A) ont montré des preuves de mélange génétique entre les populations EL Ham et Tazegzawt.



**Figure 59. Diagrammes de dispersion de l'analyse discriminante des composantes principales (DAPC) (A) et probabilités d'appartenance (B) sur les données de génotype des microsatellites. Les races sont représentées par différentes couleurs et les points r**

**2.3.2. Caractérisation moléculaire de deux populations ovines D'man Adrar et D'man Saoura par les microsatellites**

Les variables de diversité génétique ont été calculés pour chaque population ovine (**tableau 33**) à l'aide de 15 loci microsatellites.

**Tableau 33. Mesures de la diversité génétique des populations ovines**

| Population                                | D'man Adrar |                | D'man Saoura |                |
|---|-------------|----------------|--------------|----------------|
|   | moyenne     | Ereur standard | moyenne      | Ereur standard |
| Nombre moyen d'allèles                    | 5.667       | 0.270          | 11.000       | 0.609          |
| Na Freq. >= 5%                            | 5.667       | 0.270          | 6.467        | 0.291          |
| Allèles efficace                          | 4.511       | 0.227          | 7.442        | 0.486          |
| Index d'informations                      | 1.600       | 0.048          | 2.160        | 0.062          |
| No. Allèles privés                        | 1.533       | 0.322          | 6.867        | 0.496          |
| No. Allèles en commun(<=25%)              | 0.000       | 0.000          | 0.000        | 0.000          |
| No. Allèles en commun(<=50%)              | 0.000       | 0.000          | 0.000        | 0.000          |
| Hétérozygotie observée                    | 0,79        | 0.042          | 0.833        | 0.032          |
| Hétérozygotie attendue                    | 0.771       | 0.011          | 0.857        | 0.010          |
| UHe                                       | 0.860       | 0.013          | 0.890        | 0.010          |
| Fis                                       | 0.093       |                | 0.066        |                |
| Indice de Fixation                        | -0.031      | 0.062          | 0.029        | 0.034          |
| nombre de loci pas dans le HWE (p < 0.05) | Ns          |                | 1            |                |

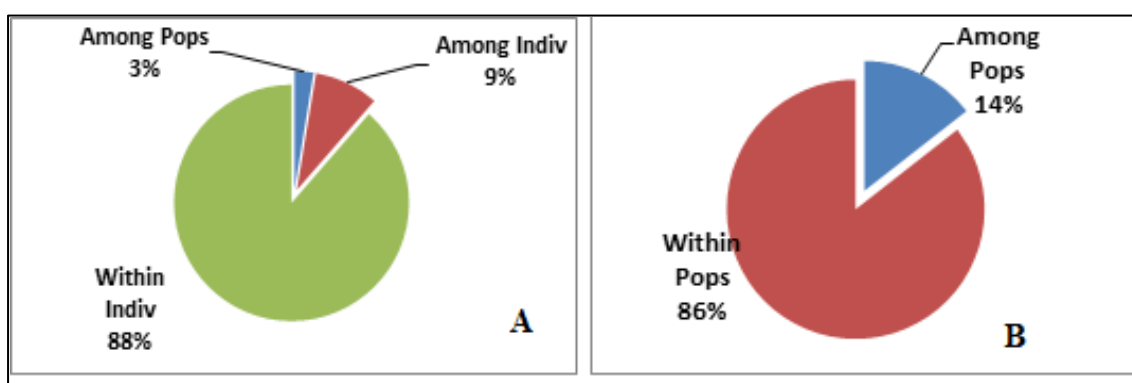
Les résultats de la diversité génétique selon la race sont résumés dans le tableau 36. Les valeurs les plus élevées et les plus faibles du nombre d'allèles, de l'allèle efficace, de l'indice d'information et de plusieurs allèles privés ont été observés respectivement dans les populations ovines D'man Saoura et D'man Adrar. La race ovine D'man Saoura a montré les valeurs les plus élevées en termes d'hétérozygotie moyenne attendue. Tous les loci microsatellites des populations de moutons D'man Saoura sont dans l'équilibre de Hardy-Weinberg. Au contraire, il a été déterminé que tous les loci étudiés dans la population de moutons D'man Adrar n'étaient pas dans l'équilibre de Hardy-Weinberg. Toutes les valeurs  $F_{IS}$  sont positives, ce qui est un paramètre important pour définir la structure de la population

## RESULTATS ET INTERPRETATION

et indiquer la perte d'hétérozygotie, et elles sont de 0,093 pour D'man Adrar et de 0,066 pour D'man Saoura.

Le classement de la diversité globale de toutes les populations de moutons dans la présente étude a été réalisé par AMOVA et Shannon Information (sH) (figures 60 A et B). Le résultat a montré que le pourcentage de variation entre les populations était de 9% et entre les individus au sein de ces groupes était de 3%. En revanche, une grande variation est enregistrée parmi les individus (88%). Ce résultat signifie que la diversité enregistrée est principalement entre les individus au sein des populations. L'information de Shannon (sH), dont la variation est intra-populationnelle, confirme cette hypothèse.

Le tableau 34 montre qu'il existe une distance génétique moyenne entre les deux races étudiées, ainsi qu'une légère différenciation matérialisée par la valeur de Fst de l'ordre de 60 %.



**Figure 60. A. Pourcentages de variance moléculaire (AMOVA) et B. Pourcentages d'informations de Shannon (sH)**

L'évaluation des deux populations est présentée dans le tableau 34. Les résultats obtenus montrent qu'un total de 21 individus 79% est évalué sur l'auto-race et 21% sur une autre race.

**Tableau 34. Valeurs d'affectation (avec l'option d'en exclure un) - Probabilités logarithmiques affichées comme positives**

| Sample      | Pop | D'man Adrar | D'man Saoura | Pop assigné |                     |
|-------------|-----|-------------|--------------|-------------|---------------------|
| D'man Adrar | D1T | 37.492      | 32.861       | 2           | <b>D'man Saoura</b> |
| D'man Adrar | D2T | 30.327      | 33.325       | 1           | D'man Adrar         |
| D'man Adrar | D3T | 34.043      | 32.990       | 2           | <b>D'man Saoura</b> |
| D'man Adrar | D4T | 29.883      | 28.959       | 2           | <b>D'man Saoura</b> |

**RESULTATS ET INTERPRETATION**

|              |     |        |        |   |              |
|--------------|-----|--------|--------|---|--------------|
| D'man Adrar  | D5T | 31.832 | 32.828 | 1 | D'man Adrar  |
| D'man Saoura | D1  | 37.609 | 29.299 | 2 | D'man Saoura |
| D'man Saoura | D2  | 34.849 | 28.828 | 2 | D'man Saoura |
| D'man Saoura | D3  | 45.609 | 28.920 | 2 | D'man Saoura |
| D'man Saoura | D4  | 39.974 | 28.748 | 2 | D'man Saoura |
| D'man Saoura | D5  | 41.706 | 35.994 | 2 | D'man Saoura |
| D'man Saoura | D6  | 43.212 | 27.562 | 2 | D'man Saoura |
| D'man Saoura | D7  | 39.752 | 34.709 | 2 | D'man Saoura |
| D'man Saoura | D8  | 43.319 | 29.692 | 2 | D'man Saoura |
| D'man Saoura | D9  | 39.150 | 28.772 | 2 | D'man Saoura |
| D'man Saoura | D10 | 32.525 | 30.216 | 2 | D'man Saoura |
| D'man Saoura | D11 | 34.558 | 29.456 | 2 | D'man Saoura |
| D'man Saoura | D12 | 34.701 | 31.640 | 2 | D'man Saoura |
| D'man Saoura | D13 | 33.002 | 36.782 | 1 | D'man Adrar  |
| D'man Saoura | D14 | 36.859 | 27.602 | 2 | D'man Saoura |

Les résultats obtenus des matrices de distances par paires Nei et Fst pour ces deux races sont relativement proches (tableau 35) ; la très faible taille de l'échantillon peut expliquer cela, ce qui peut suggérer que ces deux populations se rejoignent.

**Tableau 35. Matrice de population par paires de la distance génétique Nei au-dessus et des valeurs Fst en dessous de la diagonale**

|              |             |              |
|--------------|-------------|--------------|
|              | D'man Adrar | D'man Saoura |
| D'man Adrar  | 0.000       | 0.640        |
| D'man Saoura | 0.052       | 0.000        |

Les mesures de variabilité génétique correspondant aux 15 loci sont rapportées dans le tableau 36.

**Tableau 36. Les mesures de la variabilité génétique**

|                 |    |     |       |       |       |     |
|-----------------|----|-----|-------|-------|-------|-----|
| Microsatellites | Na | Nab | Hoe   | Hef   | PICg  | HWh |
| OarFCB193       | 19 | 10  | 0.684 | 0.882 | 0.843 | NS  |
| OarFCB304       | 19 | 17  | 0.895 | 0.922 | 0.890 | NS  |

## RESULTATS ET INTERPRETATION

|           |    |    |       |       |       |    |
|-----------|----|----|-------|-------|-------|----|
| INRA0023  | 19 | 15 | 0.947 | 0.932 | 0.900 | NS |
| OarCP34   | 19 | 12 | 0.789 | 0.817 | 0.778 | NS |
| INRA0132  | 19 | 13 | 0.895 | 0.892 | 0.857 | NS |
| D5S2      | 19 | 11 | 0.895 | 0.885 | 0.847 | NS |
| BM1818    | 16 | 15 | 0.688 | 0.927 | 0.890 | NS |
| BM8125    | 19 | 15 | 0.947 | 0.902 | 0.869 | NS |
| McM0527   | 18 | 9  | 0.722 | 0.871 | 0.829 | NS |
| CSR0247   | 19 | 12 | 0.789 | 0.882 | 0.845 | NS |
| OarFCB128 | 19 | 12 | 0.632 | 0.912 | 0.877 | NS |
| BM1329    | 19 | 13 | 0.947 | 0.910 | 0.876 | NS |
| HSC       | 17 | 12 | 0.765 | 0.922 | 0.885 | NS |
| OarJMP29  | 19 | 13 | 0.947 | 0.906 | 0.871 | NS |
| MAF214    | 19 | 9  | 0.789 | 0.844 | 0.798 | NS |

<sup>a</sup> Nombre d'individus typés pour chaque locus, <sup>b</sup> Nombre d'allèles à chaque locus, <sup>e</sup> Hétérozygotie moyenne observée (estimation par comptage direct), <sup>f</sup> Hétérozygotie moyenne attendue (estimation non biaisée Nei, 1987), <sup>g</sup> Contenu d'information polymorphe, <sup>h</sup> Équilibre de Hardy-Weinberg ; NS : non significatif, \* $p < 0,05$ , \*\* $p < 0,01$ , \*\*\* $p < 0,001$ . Les valeurs de  $p$  significatives signifient des écarts par rapport à l'équilibre.

Un total de 188 allèles a été trouvé dans 15 loci étudiés. Le nombre d'allèles par locus variait de 9 (MAF214 et McM0527) à 17 (OarFCB304) soit 12,53 le nombre moyen d'allèles par locus.

Le tableau 37 montre les mesures de variabilité génétique correspondant aux 15 loci. Tous les marqueurs étaient très informatifs ( $PIC > 0,50$ ) son PIC allant de 0,778 (OarCP34) à 0,900 (INRA0023).

Le nombre d'immigrés après correction pour la taille 9,29. Ces résultats pourraient indiquer un flux de gènes plus élevé parmi ces races.

Les quatre races n'ont pas montré d'écart par rapport aux proportions Hardy-Weinberg en considérant tous les loci.

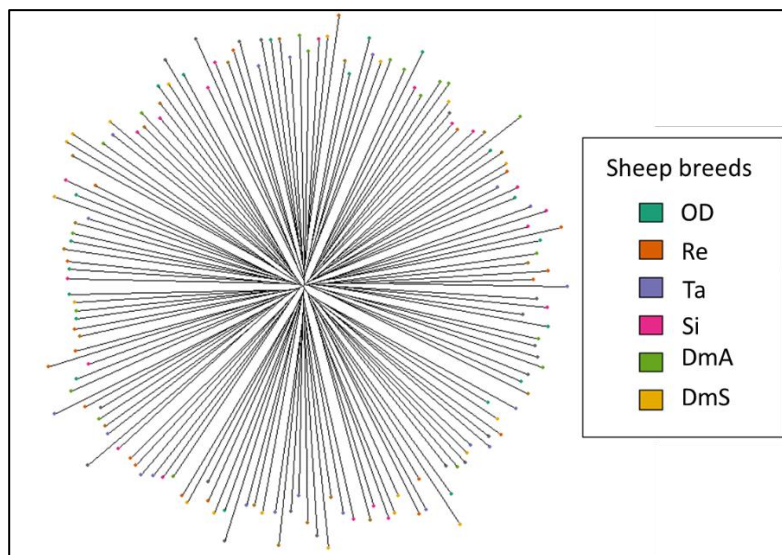
L'hétérozygotie moyenne observée ( $H_o$ ) sur les loci était inférieure à celle attendue dans toutes les races (tableau 36), la valeur la plus faible (0,7900) étant détectée à D'man Adrar. Les valeurs  $F_{IS}$  estimées étaient positives dans toutes les races étudiées : 0,092 et 0,066 pour D

## RESULTATS ET INTERPRETATION

'man Adrar et D'man Saoura, respectivement Le  $F_{IT}$  et son intervalle de confiance à 95 % après 1000 bootstraps étaient de 0,096 (0,038-0,160). Dans la population globale, l'excès d'homozygotes ( $F_{IT}$ ) a été causé principalement par un excès d'homozygotes intra-races ( $F_{IS} = 0,072, 0,013 - 0,136$ ). Nous avons également remarqué une faible différenciation génétique entre les races ( $F_{ST} = 0,026, 0,006 - 0,048$ ).

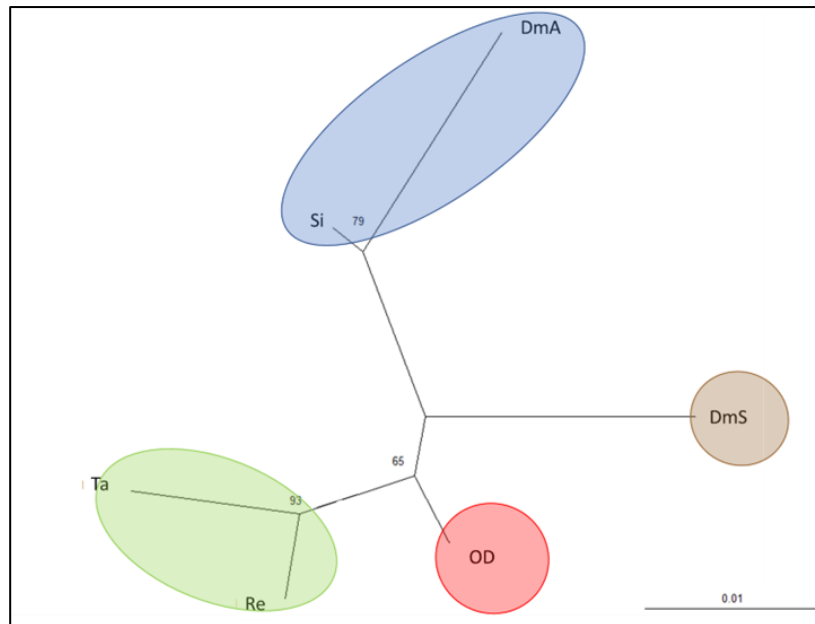
L'arbre phylogénétique construit à l'aide de la distance génétique de Reynold (Figure 61) distingue quatre groupes. Le premier groupe a pu être correctement identifié avec une valeur bootstrap élevée de 79% et a été formé par Sidaou et D'man Adrar. Le D'man Saoura est situé loin du D'man Adrar, cependant c'était le plus proche de la race ovine Ouled Djellal. La valeur de bootstrap la plus élevée a été observée pour le dernier groupe composé de Rembi et Taadmit. Nos résultats indiquent une relation plus éloignée entre les deux populations de D'man.

Ce résultat a également été montré sur la figure 62 qui a révélé que les deux populations pouvaient être considérées comme des races différentes. Cependant, la figure 63 et la figure 64 ont démontré le haut niveau de mélange génétique entre les différentes races.

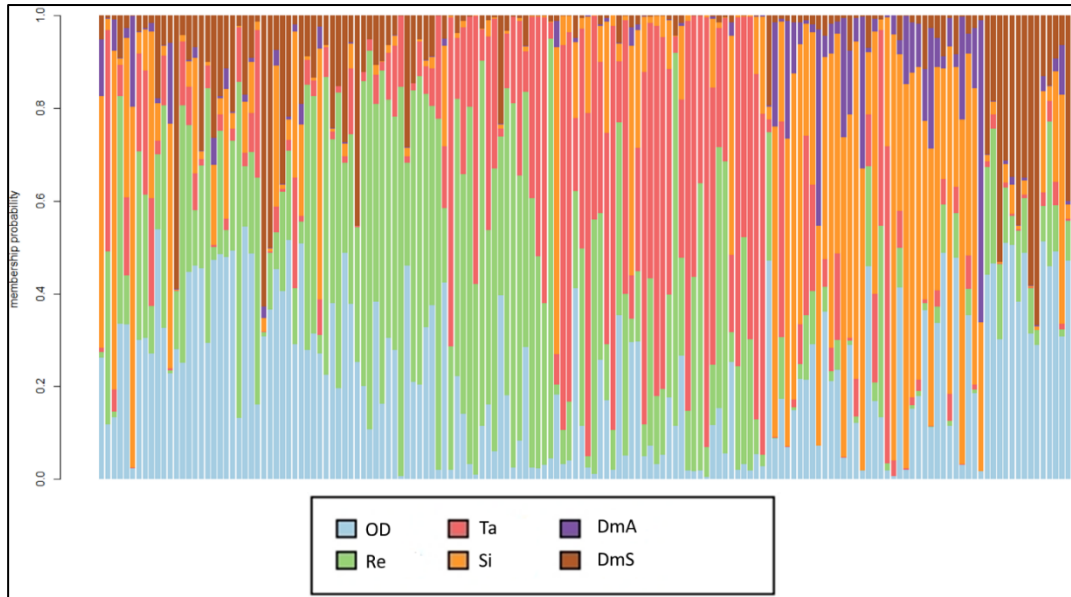


**Figure 61. Relations phylogénétiques chez les ovins individuels selon les génotypes microsatellites. Les parcelles représentent des individus. OD : Ouled Djellal, RE : Rembi, Ta : Taadmit, Si : Sidaou, DmA : D'man Adrar, DmS : D'man Saoura.**



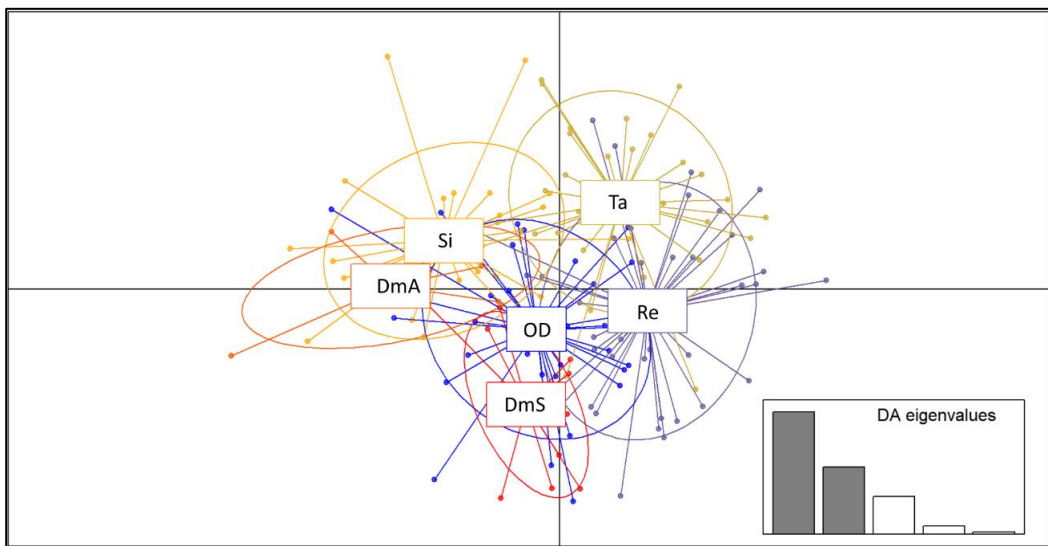


**Figure 62. L'arbre phylogénétique représente la relation génétique entre les races ovines étudiées selon la distance de Reynolds. Les parcelles représentent des individus. OD : Ouled Djellal, Re : Rembi, Ta : Taadmit, Si : Sidaou, DmA : D'man Adrar, DmS**



**Figure 63. Probabilités d'adhésion sur les données de génotype microsatellite. Les races sont représentées par différentes couleurs, et les points représentent différents individus.**

OD : Ouled Djellal, Re : Rembi, Ta : Taadmit, Si : Sidaou, DmA : D'man Adrar, DmS : D'man Saoura



**Figure 64. Diagrammes de dispersion de l'analyse discriminante en composantes principales (DAPC). Les races sont représentées par différentes couleurs et les points représentent différents individus**

OD : Ouled Djellal, Re : Rembi, Ta : Taadmit, Si : Sidaou, DmA : D'man Adrar, DmS : D'man Saoura



## **2.4. Analyse des variations d'insertion/délétion (InDel) dans le gène ovin IRF2BP2 : cas des races ovines Maghrébines et une race Iranienne**

### **2.4.1. Qualité des ADN extraits**

Après analyse, du point de vue de la pureté de l'ADN, les échantillons d'ADN extraits par la méthode NaCl ont montré une bonne qualité et qu'elle que signe de contamination a été trouvé. D'autre part, tous les échantillons ont montré des concentrations très élevées supérieures à 1000 ng /  $\mu$ l, ce qui était dû à la nécessité de diluer l'ADN en excès de la solution mère. En utilisant la technologie de "Salting Out" de NaCl pour extraire l'ADN du sang d'ovin entier, des résultats satisfaisants ont été obtenus en termes de pureté et de récupération de l'ADN extrait. Par rapport aux kits commerciaux, la technologie NaCl est rentable et peu coûteuse.

### **2.4.2. Résultat du génotypage par PCR**

Un rapport précédent a identifié un Indel d'environ 1 400 pb dans l'UTR 3 'du gène IRF2BP2 ovin associé au type toison (**Demars *et al.*, 2017**).

Après résolution sur gel d'agarose 1%, le génotypage PCR de cet Indel réalisé sur 906 échantillons d'ADN de 17 races :

Douze (12) races Algériennes : Sidaou, Hamra, Sardi, Ifilène, Darâa, Ouled Djellal, Tâadmit, D'man, Tazegzawt, Barbarine, Rembi et Berbère.

Quatre (4) races tunisiennes : Queue Fine de l'Ouest, Barbarine, Noire de Thibar et Sicilo-Sarde

Une race iranienne (1) : la race Mehraban

Ces races ont détecté les 3 génotypes attendus, insertion à l'état homozygote (II), délétion à l'état homozygote (DD) et hétérozygote (ID) (**figure 65**).

L'allèle inséré et l'allèle délété ont montré respectivement une bande de 465 pb et une bande de 225 pb (**figure 65**).

RESULTATS ET INTERPRETATION

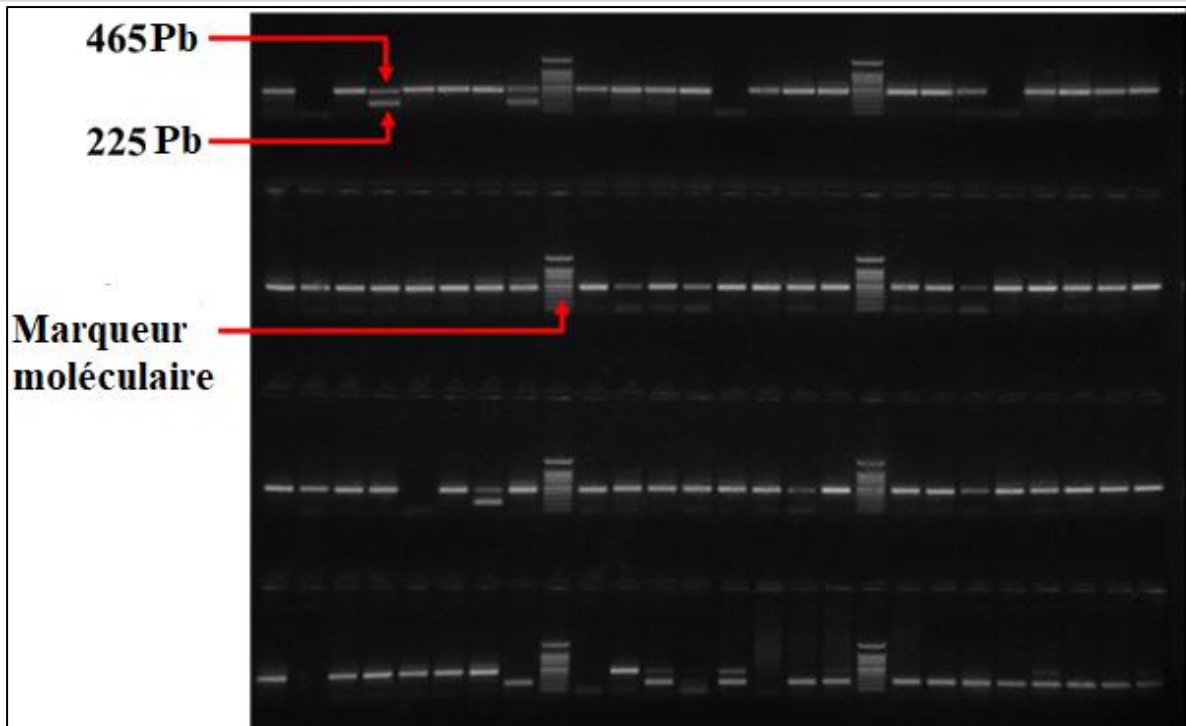


Figure 65. Schéma d'électrophorèse des différents génotypes observés : II (465pb), ID (465 Pb, 225 Pb) et DD (225 Pb, 225 Pb) résultant de la séquence cible de l'amplification du gène IRF2BP2 chez les races ovines étudiées

Tableau 37. Fréquences génotypiques et alléliques et indices de population pour InDel de 240 pb dans l'UTR 3' du gène IRF2BP2 ovin

| Races         | Taille | Fréquences génotypiques (%) |    |     | Fréquences allélique (%) |     | HWE      | Indices de population |       |       |       |
|---------------|--------|-----------------------------|----|-----|--------------------------|-----|----------|-----------------------|-------|-------|-------|
|               | N      | II                          | ID | DD  | I                        | D   | P Values | Ho                    | He    | Ne    | PIC   |
| Barbarine_Alg | 37     | 51                          | 22 | 27  | 62                       | 38  | NS       | 0.529                 | 0.470 | 1.880 | 0.359 |
| Berbère       | 26     | 46                          | 27 | 27  | 60                       | 40  | NS       | 0.518                 | 0.481 | 1.928 | 0.365 |
| D'man_Alg     | 46     | 13                          | 11 | 77  | 19                       | 82  | NS       | 0.703                 | 0.296 | 1.420 | 0.252 |
| Darâa         | 8      | 63                          | 38 | 0   | 81                       | 19  | NS       | 0.694                 | 0.305 | 1.439 | 0.258 |
| Hamra         | 73     | 48                          | 26 | 26  | 61                       | 39  | NS       | 0.524                 | 0.475 | 1.907 | 0.362 |
| Ifilène       | 9      | 0                           | 0  | 100 | 0                        | 100 | NS       | 1.000                 | 0.000 | 1.000 | 0.000 |
| Ouled Djellal | 33     | 100                         | 0  | 0   | 100                      | 0   | NS       | 1.000                 | 0.000 | 1.000 | 0.000 |
| Rembi         | 95     | 95                          | 4  | 1   | 97                       | 3   | NS       | 0.938                 | 0.061 | 1.060 | 0.060 |

## RESULTATS ET INTERPRETATION

|                                     |     |    |    |    |    |    |        |       |       |       |       |
|-------------------------------------|-----|----|----|----|----|----|--------|-------|-------|-------|-------|
| <b>Sardi</b>                        | 11  | 82 | 18 | 0  | 91 | 9  | NS     | 0.834 | 0.165 | 1.198 | 0.151 |
| <b>Sidaou</b>                       | 72  | 0  | 1  | 99 | 1  | 99 | NS     | 0.986 | 0.013 | 1.014 | 0.013 |
| <b>Tâadmit</b>                      | 54  | 94 | 6  | 0  | 97 | 3  | NS     | 0.945 | 0.054 | 1.057 | 0.052 |
| <b><u>Tazegzawt</u></b>             | 24  | 71 | 4  | 25 | 73 | 27 | < 0.05 | 0.604 | 0.395 | 1.653 | 0.317 |
| <b>Barbarine_Tun</b>                | 272 | 41 | 47 | 13 | 64 | 36 | NS     | 0.540 | 0.460 | 1.850 | 0.354 |
| <b><u>Noire de Thibar</u></b>       | 23  | 74 | 9  | 17 | 78 | 22 | <0.05  | 0.660 | 0.339 | 1.514 | 0.282 |
| <b><u>Queue Fine de l'Ouest</u></b> | 25  | 69 | 12 | 15 | 79 | 21 | <0.05  | 0.665 | 0.334 | 1.501 | 0.278 |
| <b><u>SiciloSarde</u></b>           | 22  | 18 | 9  | 73 | 23 | 77 | <0.05  | 0.647 | 0.352 | 1.543 | 0.290 |
| <b><u>Mehraban</u></b>              | 75  | 0  | 5  | 95 | 3  | 97 | NS     | 0.053 | 0.052 | 1.996 | 0.051 |

HWE, équilibre de Hardy-Weinberg ; Ho, homozygotie ; Lui, hétérozygotie ; Ne, nombres d'allèles effectifs ; PIC, Contenu d'information sur le polymorphisme. Barbaine\_Alger : Barbarine d'Algérie, D'man\_Alger : D'man d'Algérie, Barbarine\_Tun : Barbarine de Tunisie. Les races mises en évidence ont montré un écart par rapport à la proportion Hardy-Weinberg. NS : non significatif

Un tableau de contingence des résultats de génotypage par race est donné dans le tableau 40. Les fréquences génotypiques et alléliques de l'InDel de 240 pb d'IRF2BP2 ont été évaluées dans ces échantillons.

Le tableau 40 a montré que les allèles I et D étaient absents chez Ifilène et Ouled Djellal, respectivement. Pour toutes les races, ce tableau indique également que le génotype dominant de l'Indel était II. Et la fréquence de l'allèle I était beaucoup plus élevée que l'allèle D, atteignant la fréquence la plus élevée chez Rembi et Taadmit (97%), et la plus basse pour les races ovines D'man, Sidaou, Sicilo Sarde et Mehraban (18,1%, 7% ), 27 %, 22,7 % et 48 % respectivement). L'identification de génotype hétérozygote la plus fréquente a été retrouvée chez la Barbarine de Tunisie (47%).

Les nombres d'allèles effectifs (Ne) étaient proches de 2 seulement dans quatre races (Berbère, Barbarine\_Alger, Hamra et Barbarine\_Tun) la valeur la plus élevée de Ne a été montrée chez la race ovine iranienne Mehraban (1.996) et la race ovine algérienne Berbère (1.928). Cependant, la valeur la plus faible de Ne a été enregistrée chez la race ovine algérienne Sidaou (1,014). Pour les races étudiées, l'analyse génétique des populations a révélé que le Ho était proche ou supérieur à 0,5, et, de plus, toutes les valeurs de He sont inférieures à celle de Ho.

## RESULTATS ET INTERPRETATION

Les valeurs de contenu d'information de polymorphisme (PIC) de cet InDel parmi les races étudiées variaient de 0,013 à 0,374. L'InDel était un PIC modéré dans toutes les races tunisiennes ( $0,25 < \text{PIC} < 0,5$ ). Tandis que certaines races algériennes ont atteint un PIC intermédiaire ( $0 < \text{PIC} < 0,25$ ) et d'autres ont atteint un PIC modéré. Chez les races ovines poilues Sidaou et la D'man, InDel a montré des valeurs intermédiaires et modérées de PIC (respectivement 0,013 et 0,252).

Seules quatre races (Tazegzawt, Noire de Thibar, Queue Fine de l'Ouest et Sicilo Sarde) n'étaient pas en équilibre de Hardy-Weinberg ( $P < 0,05$ , tableau 37). Des analyses de variance moléculaire (AMOVA) ont révélé que les dix-sept races ovines avaient des indices de fixation globaux de 42,40 % ( $F_{ST}$ ), 57,65 % ( $F_{IT}$ ) et 26,47 % ( $F_{IS}$ ). La valeur  $F_{ST}$  pour ces races était moyenne; cependant significatif ( $p < 0,001$ ), alors que la majeure partie de la variance de la race pourrait s'expliquer par la variabilité intra-individuelle. La consanguinité intra-population ( $F_{IS}$ ) et la consanguinité totale ( $F_{IT}$ ) étaient également significatives. De plus, l'analyse des races étudiées regroupées par pays d'origine a montré que les différences génétiques entre les races représentaient 50,30% de la variation.

# *Discussion*



### 3. Discussion

#### 3.1. Caractérisation phénotypique

##### 3.1.1. Caractérisation phénotypique de deux populations Tazegzawt et EL Ham

###### *Caractères quantitatifs*

Selon **El Bouyahiaoui (2017)**, la conformation corporelle de la population Tazegzawt indique une bonne aptitude à la viande. La population Tazegzawt est grande et allongée, elle a un bassin plus large et plus large devant, une tête et des oreilles longues et larges, périmètre du canon développé par rapport à la population EL Ham sauf que cette dernière a une poitrine plus développée donc elle est plus développée que celle des autres populations : Rembi, Srandi, Darâa, Barbarine, Hamra, Berbère et Ouled Djellal (**Djaout et al., 2015 ; Harkat et al., 2015 ; Laoun et al., 2015 ; Belharfi et al., 2017 ; Afri-Bouzebda et al., 2018**). La race Ouled Djellal étudiée par **Belharfi et al. (2017)** a présenté un périmètre thoracique proche de la population de Tazegzawt ici et de celui étudié par **El Bouyahyaoui et al. (2021)**.

Les mensurations de deux populations Tazegzawt et « El Ham » sont supérieures à celles des races Hamra, Berbère, Barbarine (**Belharfi et al., 2017 ; Afri-Bouzebda et al., 2018**) et Rembi étudiées par **Djaout et al. (2015)** est inférieures que ces races.

La taille des deux populations étudiées « El Ham » et « Tazegzawt » est supérieure aux races : Hamra, Berbère, Barbarine (**Belharfi et al., 2017 ; Afri-Bouzebda et al., 2018**) et Rembi étudiées par **Djaout et al. (2015)** et inférieures à la race Ouled Djellal (**Belharfi et al., 2017 ; Afri-Bouzebda et al., 2018**) mais elles sont assez similaires en taille à celles de Hamra, Srandi et EL Ham de Nâama (**Belharfi et al., 2017**) et la race Rembi rapportée par **Laoun et al. (2015)**.

Selon **Djaout et al. (2017)** dans la région de Tlemcen, les éleveurs pensent que la race EL Ham est une variété de la race Sardi ou Srandi. Les populations EL Ham et Tazegzawt étudiées sont plus performantes que la race Sardi étudiée par **Belharfi et al. (2017)** sauf que la race Sardi est plus longue (LSI :  $81,33 \pm 5,33$  cm) que EL Ham.

Les animaux (Tazegzawt et EL Ham) sont plus performants que les autres races telles que Rembi, Darâa, Srandi, Hamra, Berbère et Barbarine (**Djaout et al., 2015 ; Laoun et al., 2015 ; Belharfi et al., 2017 ; Afri-Bouzebda et al., 2018**).

## DISCUSSION

Les mâles de la population Tazegzawt sont grands et ils ont une poitrine plus développée, ils ont une tête et des oreilles plus longues et plus larges. Ils ont un bassin large par rapport aux mâles de la population EL Ham.

Les femelles de la population Tazegzawt sont élancées, elles ont une tête et des oreilles plus longues et plus larges. Elles ont une poitrine plus haute et un bassin plus large par rapport aux femelles de la population EL Ham.

Cette supériorité des mâles sur les femelles a été observée dans la race Sardi (**Chikhi et Boujenane, 2003**) ; Ouled Djellal, Hamra, Barbarine et Rembi (**Djaout et al., 2015** ; **Belharfi et al., 2017** ; **Djaout et al., 2018a** ; **AfriBouzebda et al., 2018**).

### *Caractères qualitatifs*

La race Tazegzawt est appelée la bleue en Kabyle et EL Ham dans la région de Mechria (Nâama). Elle présente des pigmentations bleu-noir au niveau des yeux, avec une toison blanche et semi-envahissante (**Djaout et al., 2017**). Mais notre étude montre que la population Tazegzawt présente une tête de couleur pie noire ou tricolore et de couleur paturon et genou blanche ou noire, La toison est envahissante et présence de cornes et des pendeloques chez la plupart des animaux à profil céphalique busqué.

Les résultats de la population de Tazegzawt sont comparables à ceux rapportés par (**Hambli et Tazarat, 2003** ; **El Bouyahiaoui et al., 2015** ; **Djaout et al., 2017** ; **Moula, 2018** ; **El Bouyahyaoui et al., 2021**) ; les mâles de cette population étudiée ont des cornes, tandis que la moitié des mâles sont des mottes comme le rapportent **El Bouyahiaoui et al. (2015)**.

La population EL Ham présente une tête colorée en noir ou blanc (noir ou blanc). Tricolore ou bicolore, la couleur du paturon et du genou est blanche, noire ou pie noire, les cornes et les pendeloques sont absents, avec une toison semi-envahissante et un profil céphalique busqué et légèrement busqué chez la plupart des animaux étudiés.

Considérant le manque de données sur la caractérisation phénotypique de la population EL Ham. Il est à noter que nos résultats n'ont pas pu être discutés.

### 3.1.2. Caractérisation phénotypique de deux populations D'man Adrar et D'man Saoura

#### *Caractères quantitatifs*

Selon ces mensurations corporelles, la population D'man Saoura présente une conformation corporelle supérieure à celle de la population D'man Adrar. Mais Les animaux étudiés de la race D'man Adrar par notre équipe sont plus hauts ( $66,1 \pm 0,3$  cm) que les animaux étudiés par **Boubekeur et al. 2015**.

Les mâles des deux populations de la race étudiée sont plus grands, moins élancés et ils ont une poitrine moins développée par rapport aux mâles de la race D'man de Tunisie. (Hauteur au garrot :  $63,39 \pm 0,83$ cm ; Longueur scapulo-ischiale :  $103,33 \pm 1,06$ cm ; Tour de poitrine :  $94,83 \pm 0,85$ cm) (**Khaldi et al., 2011**).

Les femelles des deux populations de la race D'man étudiées sont plus grandes par rapport aux femelles de la race D'man de Tunisie (Hauteur au garrot :  $54,07 \pm 0,32$  cm ; longueur du corps :  $86,97 \pm 0,41$  cm ; circonférence :  $80,13 \pm 0,33$  cm) (**Khaldi et al., 2011**) sauf que le tour de poitrine des femelles de la race D'man de Tunisie est développé par rapport à la population de D'man Adrar et moins que la population de D'man Saoura.

Les mâles et les femelles des deux populations de la race D'man étudiées sont plus grands et plus longue que les mâles (LB et LSI : 60 à 70 cm) et les femelles (LB : 50 à 55 cm ; LSI : 50 à 60 cm) de la race D'man du Maroc (**Boujenane, 1996**).

L'indice Céphalique (CI) a une importance ethnologique, notamment parce que sa variation n'est pas influencée par les facteurs environnementaux et par la conduite de l'animal (**Cerqueira et al., 2011**).

Les animaux D'man Adrar ont la largeur de la tête égale la moitié de sa longueur ( $0,50 \pm 0,06$ ). Ce type de tête est très proche de celui de la race Berbère (**Djaout et al., 2018**), Rembi (**Djaout et al., 2015**) et Tazegzawt (**El Bouyahiaoui et al., 2021**). Donc dans notre étude, l'indice céphalique chez les animaux de deux populations D'man montre que la tête est dolichocéphale.

L'indice corporel montre que les animaux D'man sont médiolignes contrairement à la race Berbère qui est bréviligne (**Djaout et al., 2018**) et contrairement à la race Rembi (**Djaout et**

*al.*, 2015) et Tazegzawt (**El Bouyahiaoui et al.**, 2021) qui ont une meilleure conformation pour la viande.

Selon l'indice de la longueur (LI), ces animaux ont un corps carré ( $0,93\pm 0,01$ ) comme chez la race Rembi (**Djaout et al.**, 2015) et contrairement à la race Berbère qui est une race de forme oblong (Djaout et al., 2018) et la race Tazegzawt (**El Bouyahiaoui et al.**, 2021) et Ouled Djellal (**Harkat et al.**, 2015) qui ont un corps longiligne.

Profondeur du thorax relative (DT) est de  $0,35\pm 0,00$  en moyenne ce qui indique que les animaux sont très près de terre comme chez la race Berbère (**Djaout et al.**, 2018) avec une valeur très inférieure à la race Tazegzawt (**El Bouyahiaoui et al.**, 2021) et Rembi (**Djaout et al.**, 2015) qui sont hauts sur pattes.

Les animaux D'man Adrar sont très développés en avant, ce profil est identique à celui de la race Berbère et Tazegzawt (**Djaout et al.**, 2018 ; **El Bouyahiaoui et al.**, 2021), alors que les animaux D'man Saoura  $0,96\pm 0,11$  présentent presque une ligne dorsale droite.

Le développement thoracique (TD) est de  $1,06\pm 0,01$  en moyenne montre que cette race présente un thorax moins développé par rapport aux autres races Rembi, Berbère et Tazegzawt (**Djaout et al.**, 2015 ; 2018 ; **El Bouyahiaoui et al.**, 2021).

L'indice dactylo-thoracique (IDT) indique que le degré de la finesse squelettique, (**Cerqueira et al.**, 2011). Il est en moyenne de  $8,94\pm 0,09$ , chez la race D'man étudiée, ce qui montre que ces animaux sont légers et ont une ossature très fine contrairement à la race Rembi (**Djaout et al.**, 2015) et Tazegzawt (**El Bouyahiaoui et al.**, 2021). Mais plus développer que la race Berbère (**Djaout et al.**, 2018).

### *Caractères qualitatifs*

La diversité phénotypique et morphométrique des deux populations D'man, D'man Saoura et D'man Adrar, s'explique par une importante diversité génétique (**Gaouar et al.**, 2015). Selon **Djaout et al.** (2017), il existe trois types de cette race D'man selon la couleur :

Le type multicolore a plusieurs combinaisons de couleurs (noir, marron, blanc et rouge), ce type est le plus proche de celui d'Adrar, le type acajou ou marron (d'Adrar), qui se caractérise par une tête, des membres et un acajou foncé toison de couleur, et le type noir (de Saoura), qui se caractérise par une tête, des membres et une toison de couleur noire, et la queue est

## *DISCUSSION*

noire avec des pointes blanches. Ce type ressemble phénotypiquement à une population de la race D'man du Maroc.

L'absence de cornes chez les béliers différencie la race D'man des autres races ovines locales. Ce résultat confirme ceux rapportés par **Bouix et Kadiri (1975)** et **Boujenane (1999)** sur la même race au Maroc et la race tunisienne D'man (**Khaldi *et al.*, 2011**).

### 3.2. Caractérisation génétique

#### 3.2.1. Caractérisation moléculaire de deux populations Tazegzawt et EL Ham

Les variables de diversité génétique tels que le nombre moyen d'allèles et le nombre effectif d'allèles dans la population ovine Tazegzawt algérienne comparés aux données rapportées par **Ameur Ameur et al. (2018)** étaient considérablement supérieures aux valeurs des races ovines algériennes Dâraa, Ifilène et Srandi et inférieures aux autres races Ouled Djellal, Hamra, D'man, Sidaou, Rembi et Barbarine. D'autre part, le nombre d'allèles effectifs de la population ovine étudiée EL Ham comparé aux mêmes données a montré un nombre moyen d'allèles et un nombre d'allèles effectifs faibles, ce qui peut s'expliquer par le faible nombre de cette race représentée dans cette étude (**Andru, 2012**).

Les allèles privés sont une source de diversité génétique (**Petit et al., 1998**) ; Le nombre d'allèles privés de la population ovine algérienne Tazegzawt étudiée ( $8,933 \pm 0,740$ ) est supérieur à celui des races ovines algériennes : (Hamra, D'man, Darâa, Tâadmit, Sidaou, Barbarine, Berbère, Sardi, Ifilène et Rembi) rapporté par **Ameur Ameur et al. (2018)**. La population ovine algérienne EL Ham exprime une faible fréquence d'allèles privés ( $1,133 \pm 0,236$ ). Les basses fréquences alléliques indiquent une faible contribution de ces allèles à la variation génétique. De plus, l'existence de nombreux allèles privés dans une population démontre son originalité (**Fotsa, 2008**).

L'hétérozygotie observée ( $0,832 \pm 0,028$  et  $0,847 \pm 0,040$  pour Tazegzawt et EL Ham respectivement) et l'hétérozygotie attendue ( $0,848 \pm 0,016$  et  $0,780 \pm 0,013$  pour Tazegzawt et EL Ham respectivement) montrent que dans l'ensemble les races étudiées présentent une diversité génétique significative pour les 15 microsatellites étudiés.

L'hétérozygotie moyenne de ces deux populations ovines locales algériennes ( $H_o$  :  $0,832 \pm 0,028$  et  $0,847 \pm 0,040$  ;  $H_e$  :  $0,848 \pm 0,016$  et  $0,780 \pm 0,013$  ;  $U_{he}$  :  $0,866 \pm 0,016$  et  $0,870 \pm 0,014$  pour Tazegzawt et EL Ham respectivement) est proche de les valeurs des taux d'hétérozygotie des races ovines algériennes (Ouled Djellal, Hamra, Tazegzawt, D'man, Darâa, Tâadmit, Sidaou, Barbarine, Berbère, Sardi, Ifilène, Rembi) rapportées par **AmeurAmeur et al. (2018)** avec 15 microsatellites ; supérieurs à ceux rapportés dans les races turques (**Yilmaz et al., 2014**) ; Les races tunisiennes (**Ben Sassi-Zaidy et al., 2014**) avec 17 microsatellites et Kdidi et al. (2015) ; races marocaines (**Gaouar et al., 2016a**) ; races algériennes (**Gaouar et al., 2015b** ; **Gaouar et al., 2016b**) ; Les races grecques

(**Loukovitis et al., 2016**) avec 11 marqueurs et les races égyptiennes (**Othman et al., 2016**) avec 22 microsatellites. Un niveau élevé d'hétérozygotie observé peut s'expliquer par la forte homogénéisation et les croisements incontrôlés observés dans les troupeaux en Algérie (**Gaouar, 2002 ; Gaouar, 2009**).

Les deux populations (Tazegzawt et EL Ham) présentent un indice de fixation ( $F_{IS}$ ) positif (supérieur à 0). La valeur  $F_{IS}$  de deux populations ovines étudiées (0,037 et 0,019 pour Tazegzawt et EL Ham respectivement) est inférieure à celle de la race Tazegzawt (0,07) étudiée par **EL Bouyahiaoui, (2017)** par les marqueurs SNP et inférieure aux valeurs rapportées par Gaouar et al (2015a) dans les races Hamra, Tâadmit (0,05) et D'man (0,06), par **Ciani et al. (2013)** dans la race italienne Leccese (0,05), par **Hoda et al. (2009)** dans les races ovines albanaises (0,061), à celle de la race espagnole Lojeña (0,104) rapportée par **Pablo et al. (2013)**; la population ovine roumaine Tsigai (0,0981) par **Zahan et al. (2011)**, races tunisiennes à queue fine et à queue grasse (0,112) par **Ben Sassi-Zaidy et al. (2014)** ; de la race brésilienne Morada Nova (0,166) par **Ferreira et al. (2014)** et celle des races marocaines Boudjaâd, D'man et Beni Guil (0,165 ; 0,163 et 0,132 ; respectivement) par **Gaouar et al. (2016a)** utilisant 22 marqueurs microsatellites.

.La valeur  $F_{IS}$  de la population Tazegzawt dans notre étude est comparable à celles obtenues dans les races ovines grecques Boutsiko et Thessaly (respectivement 0,031 ; 0,034) rapportées par **Loukovitis et al. (2016)** et la valeur du  $F_{IS}$  dans la race ovine islandaise KRK PRAMENKA (0,034) par **Salamon et al. (2012)**. La valeur  $F_{IS}$  de la population EL Ham étudiée est comparable à la valeur  $F_{IS}$  rapportée par **Ocampo et al. (2016)** dans la race colombienne Corriedale (0,01).

La Figure 64 et la Figure 65 ont révélé le fort brassage génétique entre les races étudiées mais ce brassage est très intéressant entre EL Ham et Tezagzewt. Ces deux races semblent se superposer sur la Figure 65 B suggérant que ces populations sont le résultat d'accouplements récents entre individus appartenant à la même Race. Les résultats peuvent également s'expliquer par la rétention de polymorphismes ancestraux partagés.

### 3.2.2. Caractérisation moléculaire de deux populations D'man Adrar et D'man Saoura

Bien que le nombre moyen d'allèles privés ait été identifié dans toutes les populations étudiées. Les variables de diversité génétique tels que le nombre moyen d'allèles dans la population ovine algérienne D'man Adrar et D'man Saoura par rapport aux données rapportées par **AmeurAmeur et al. (2018)** étaient considérablement inférieures aux valeurs des races ovines algériennes Ouled Djellal, Hamra, Sidaou, Rembi et Barbarine, Tazegzawt, Berbère, Taadmit, Sidaou

En revanche, le nombre d'allèles de la population ovine étudiée D'man Adrar par rapport aux mêmes données ont montré un nombre moyen faible, ce qui peut s'expliquer par le faible nombre de cette race représentée dans cette étude (**Andru, 2012**) et cette population exprime également une faible fréquence d'allèles privés ( $1,133 \pm 0,236$ ). De faibles fréquences alléliques indiquent une faible contribution de ces allèles à la variation génétique. De plus, l'existence de nombreux allèles privés dans une population démontre son originalité (**Fotsa, 2008**).

Ces deux races ovines algériennes présentent généralement une grande diversité génétique en comparaison avec les résultats obtenus par **Gaouar et al. (2014, 2015b)** et **Ameur Ameur et al (2018)** sur les mêmes races. Ces résultats montrent que ces microsatellites utilisés dans les races ovines algériennes dans la présente étude fournissent un très haut niveau d'information.

L'hétérozygotie moyenne de ces deux populations ovines locales algériennes ( $H_o : 0,79 \pm 0,042$  et ;  $H_e : 0,833 \pm 0,032$  ;  $U_{he} : 0,860 \pm 0,013$  et  $0,890 \pm 0,010$  pour D'man Adrar et D'man Saoura respectivement) est proche de la valeurs des taux d'hétérozygotie des races ovines algériennes (Ouled Djellal, Tazegzawt, Darâa, Tâadmit, Sidaou, Barbarine, Berbère, Sardi, Ifilène, Rembi) rapportées par **AmeurAmeur et al. (2018)** avec 15 microsatellites ; supérieurs à ceux rapportés dans les races turques (**Yilmaz et al., 2014**) ; Les races tunisiennes (**Ben Sassi-Zaidy et al., 2014**) avec 17 microsatellites et **Kdidi et al. (2015)** ; races marocaines (**Gaouar et al., 2016a**) ; races algériennes (**Gaouar et al., 2015b ; Gaouar et al., 2016b**) ; Races grecques (**Loukovitis et al., 2016**) avec 11 marqueurs et races égyptiennes (**Othman et al., 2016**) avec 22 microsatellites. Un niveau élevé d'hétérozygotie observé s'explique par la forte homogénéisation et les croisements incontrôlés observés dans les troupeaux en Algérie (**Gaouar, 2002 ; Gaouar, 2009**).



## DISCUSSION

Les valeurs  $F_{IS}$  étaient inférieures aux valeurs rapportées pour les races ovines turques (**Yilmaz et al., 2014**), les races ovines tunisiennes (**Kdidi et al., 2015**) et les races ovines marocaines (**Gaouar et al., 2016a**). La faible différenciation génétique de la race ovine algérienne présentée ici est en concordance avec les résultats obtenus par **Gaouar et al. (2015a, 2015b)** et **AmeurAmeur et al. (2018)** avec respectivement 30 et 15 microsatellites. Et inférieure à celle de la race espagnole Lojeña (0,104) rapportée par **Pablo et al. (2013)**; la population ovine roumaine Tsigai (0,0981) par **Zahan et al. (2011)**, races tunisiennes à queue fine et à queue grasse (0,112) par **Ben Sassi-Zaidy et al. (2014)**; de la race brésilienne Morada Nova (0,166) par **Ferreira et al. (2014)** et celle des races marocaines Boudjaâd, D'man et Beni Guil (0,165 ; 0,163 et 0,132 ; respectivement) par **Gaouar et al. (2016a)** utilisant 22 marqueurs microsatellites. Les valeurs  $F_{IS}$  obtenues selon les races étudiées indiquent une perte d'hétérozygotie. Ce déficit d'hétérozygotie était principalement dû à la subdivision des troupeaux connus sous le nom d'effet Wahlund et au croisement incontrôlé sans respect de l'aire de répartition de chaque race par l'éleveur (**Ameur Ameur et al., 2018**).

### 3.2.3. Analyse des variations d'insertion/délétion (InDel) dans le gène ovine IRF2BP2 : cas des races ovines Maghrébines et une race Iranienne

Il y a environ 9 000 à 11 000 ans, le mouton était domestiqué dans la région du « Croissant fertile » (Zeder, 2008). Le phénotype toison longue et poilue est apparu plus tôt que le phénotype toison courte et laineuse (Demars *et al.*, 2017). En effet, les populations humaines dans leur développement culturel sont intéressées par le développement de leur habillement, ce qui a conduit à un intérêt des éleveurs à développer des races ovines capables de fournir une matière première répondant à ce besoin.

L'Algérie et la Tunisie connaissent une énorme augmentation de la population au cours de la seconde moitié du XXe siècle (Kateb & Ouadah-Bedidi, 2001). Cette augmentation s'est accompagnée d'une demande d'évolution de l'alimentation d'origine animale, entraînant des changements importants dans les objectifs de l'élevage, en particulier pour les ovins. Cependant, aucun programme d'élevage n'a été mis en place pour améliorer la qualité de la toison dans ces pays. Si les études s'intéressant à la qualité de la toison et de la laine sont absentes en Tunisie et en Iran, elles sont peu nombreuses en Algérie, les plus récentes ont été réalisées en 2018 par Belharfi *et al.* La présente étude était le premier rapport de l'InDel de 240 pb dans l'UTR 3 'du gène Ovine IRF2BP2 chez les races ovines nord-africaines et la race ovine iranienne Mehraban.

L'estimation de  $H_e$  et  $H_o$  pour chaque race a également montré que l'hétérozygotie ( $H_o$ ) était plus élevée que l'hétérozygotie ( $H_e$ ) attendue pour toutes les races analysées. Ce résultat peut être attribué à un effet de rupture d'isolat, qui a caractérisé les races ovines tunisiennes et algériennes. La pratique générale d'élevage dans ces deux pays était l'accouplement contrôlé et non contrôlé entre races ovines (Ben Sassi-Zaidy, 2014 ; Kdidi *et al.*, 2015 ; Gaouar *et al.*, 2015a, 2015b, 2016 ; Ameer Ameer *et al.*, 2018 ; Ben Jemaa *et al.*, 2019). En Tunisie, l'accouplement a eu lieu entre Barbarine et Queue fine de l'Ouest et Barbarine et Noire de Thibar restent les croisements les plus courants. En effet, les bouchers, les éleveurs se tournent vers les races à queue fine (Queue fine de l'Ouest et Noire de Thibar) et leurs croisements car ils ont du mal à écouler le gras de la queue (qui représente jusqu'à 15% du poids carcasse) de Barbarine (Bedhiaf-Romdhani *et al.*, 2008). De plus, cinq races ovines algériennes (D'man, Rembi, Sardi, Sidaou et Taadmit) ont montré une énorme différence entre  $H_o$  et  $H_e$ . Ce résultat peut s'expliquer par le non respect par les éleveurs de la notion de

race et le fait que beaucoup d'éleveurs croisent les races entre eux d'une manière incontrôlée (Gaouar *et al.*, 2015a, 2015b, 2016 ; Djaout *et al.*, 2017 ; Ameer Ameer *et al.*, 2018).

Pour le présent travail, les valeurs du PIC étaient nulles pour les races ovines Ifilène et Ouled Djellal. Pour le reste des races étudiées, cette valeur variait de 0,013 à 0,374, avec une valeur moyenne de 0,249. Il semble bas chez Sidaou, Taadmit, Rembi, Sardi, et moyen chez les autres races. La valeur la plus élevée (0,374) de PIC a été observée dans la race ovine iranienne Mehraban, mais semble être une valeur faible pour cette race ovine qui s'est élevée relativement près du centre de domestication des espèces ovins. Ce résultat pourrait s'expliquer par le fait que le polymorphisme InDel du gène IRF2BP2 s'est produit plus tard que les événements de domestication. **Zamani et al. (2011)** ont montré une faible diversité génétique dans la race ovine Mehraban lorsqu'ils ont analysé la variation génétique de cette race à l'aide de deux marqueurs de répétition de séquences simples (ISSR).

Les valeurs de PIC dans cette étude étaient inférieures à celles obtenues dans des recherches précédentes qui se concentraient sur l'analyse de la diversité génétique des races ovines nord-africaines à l'aide de marqueurs microsatellites (**Ben Sassi-Zaidy, 2014 ; Kdidi et al., 2015 ; Gaouar et al., 2015a ; 2015b, 2016, Ben Jemaa et al., 2019 ; Ameer Ameer et al., 2020**).

Seules quatre races (Tazegzawt, Noire de Thibar, Queue Fine de l'Ouest, SiciloSarde) s'écartent significativement ( $p < 0,05$ ) des proportions de Hardy-Weinberg, ce qui pourrait s'expliquer par l'accouplement non panmictic dans l'histoire des races (**Kdidi et al., 2015 ; Ameer Ameer et al., 2018**). En considérant toutes les races, l'hétérozygotie moyenne attendue ( $H_e$ ) était inférieure à celle observée (tableau 47). De plus, l'estimation de  $H_e$  et  $H_o$  pour chaque race a également montré que l'hétérozygotie ( $H_o$ ) était plus élevée que l'hétérozygotie ( $H_e$ ) attendue pour toutes les races analysées.

Ce résultat peut être attribué à un effet de rupture d'isolat, qui a caractérisé les races ovines tunisiennes et algériennes. La pratique générale d'élevage dans ces deux pays était l'accouplement contrôlé et non contrôlé entre races ovines (**Ben Sassi-Zaidy, 2014 ; Kdidi et al., 2015 ; Gaouar et al., 2015a, 2015b, 2016 ; Ameer Ameer et al., 2018 ; Ben Jemaa et al., 2019**). En Tunisie, les accouplements intervenus entre Barbarine et Queue Fine de l'Ouest et entre Barbarine et Noire de Thibar restent les croisements les plus fréquents. En effet, les bouchers, les éleveurs se tournent vers les races à queue fine (Queue fine de l'Ouest et Noire de Thibar) et leurs croisements car ils ont du mal à écouler le gras de la queue (qui

## *DISCUSSION*

représente jusqu'à 15% du poids carcasse) de Barbarine (**Bedhiab-Romdhani *et al.*, 2008**). Par ailleurs, cinq races ovines algériennes (D'man, Rembi, Sardi, Sidaou).

*Conclusion &  
Perspectives*

## **Conclusion et perspectives**

Les espèces animale 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.

L'Algérie recèle des ressources dont l'importance tant qualitative que quantitative est à même de lui assurer un développement durable de ses ressources animale. Néanmoins, ces ressources ne sont guère exploitées de façon appropriée. Les espèces animale 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.

En Algérie la notion de race pure pose encore problème et ce en raison de l'absence de structures de gestion des populations animale, d'une part sur le plan de la caractérisation phénotypique et d'autre part sur le contrôle des performances, a des fins de mise en place de standards pouvant constituer la base de tout programme d'amélioration génétique dans une espèce donnée et une catégorie de production donnée.

Selon notre étude morphométrique, la population Tazegzawt étudiée a un format plus grand que la population EL Ham, qui est moins grande et moins élancée par rapport à la première, et ces deux populations ont une meilleure conformation de viande. La caractérisation phénotypique montre que ces populations diffèrent les unes des autres principalement par la présence de pendeloques (caractère dominant chez la race Tazegzawt) qui sont absentes chez la plupart des animaux EL Ham. Cependant, les deux populations ont des taches bleues sur la langue

La caractérisation moléculaire à l'aide d'un ensemble de 15 marqueurs microsatellites a montré qu'il existe une distance génétique moyenne entre les deux races, ainsi qu'une légère différenciation illustrée par la valeur  $F_{st}$  autour de 4,2 %. Au niveau des caractéristiques phénotypiques et au niveau individuel on constate que les deux populations présentent une très forte hétérogénéité. Cependant, les deux races de moutons sont légèrement différentes l'une de l'autre. Cette différence morphométrique entre ces moutons moins connus nécessite une caractérisation phénotypique, génotypique et zootechnique approfondie en plus grand nombre pour établir un standard de race.

Nous concluons donc que les deux populations appartiennent à la même race et que les différences morphométriques observées sont dues à l'adaptation et au système d'élevage appliqué dans les différentes régions.

Par ailleurs, malgré que la race D'man soit une race prolifique et rustique mais on est en train de la perdre, D'man Adrar et D'man Saoura présentent des différences importantes dans les caractères quantitatifs avec une nette supériorité de la population D'man de Saoura (Béchar) pour tous caractères morphométriques. Mais l'analyse des indices ethnologiques et zootechniques fonctionnels montre que ces deux populations étudiées sont mendéliennes, proches du sol avec une musculature très fine. De plus, ils présentent les mêmes caractères qualitatifs avec des couleurs variables de la tête, des pattes et de la laine. Les deux populations sont laineuses sauf que le type Adrar est poilu à plus de 20%, l'absence de cornes et de Pendeloques sont des critères dominants dans les deux populations avec des oreilles tombantes et une queue à bout blanc (100%). L'analyse moléculaire des deux populations D'man Adrar et D'man Saoura par microsatellites a montré une différence entre elles, cette infime hétérogénéité devrait être confirmée par l'analyse d'un plus grand nombre d'individus et surtout par l'utilisation d'autres outils moléculaires comme une puce à ADN. Cela permettra une meilleure connaissance de ces deux populations et donc de faire le lien entre elles.

Enfin, ce présent travail a aussi étudié le polymorphisme InDel au sein du gène ovine IRF2BP2 chez les principales races ovines nord-africaines élevées en Algérie et en Tunisie. Des échantillons de la race ovine iranienne Mehraban collectés à proximité du centre de domestication ont été ajoutés. Le contenu d'information sur le polymorphisme (PIC) indique un niveau de polymorphisme faible à intermédiaire. De plus, la fréquence de l'allèle d'insertion (465 pb) était la plus élevée dans la plupart des races. Le résultat a montré, en outre, une association significative entre la variation du trait toison et le polymorphisme InDel du gène étudié dans les races ovines analysées. Cependant, des analyses supplémentaires sont nécessaires pour clarifier la cause principale conduisant à deux traits différents de la toison chez la race ovine D'man d'Algérie. De plus, il reste important d'étudier si le polymorphisme du gène IRF2BP2 pourrait avoir des effets similaires chez les chèvres. L'association qui permet de fournir un tel outil, le polymorphisme seul ne suffit pas.

L'identification de nouvelles races ovines est utile pour le patrimoine génétique existant localement qui nécessite en toute urgence un programme de caractérisation génétique, morphométrique et zootechnique qui doit être mis en œuvre pour ces races dans une

perspective d'intégration dans des schémas d'amélioration génétique. Dans cette étude, il est permis d'abord de constater une richesse allélique.

Cette thèse suggère des perspectives visant à mettre en œuvre des stratégies pour conserver et améliorer les races ovines locales, quel que soit leur effectif en relation avec les professionnels d'élevage, et ce sur la base de travaux continus et coordonnés à la fois sur leur variabilité génétique ovine et leurs caractéristiques zootechniques. Tout en les évaluant et en les adaptant aux différents environnements et conditions d'élevage. Par ailleurs, la présente étude a permis notamment la caractérisation génétique du cheptel ovin algérien en apportant un certain nombre de résultats sur la dynamique du génome ovin local et les relations phylogénétiques.

Ces recommandations portent sur :

La sensibilisation des Autorités locales pour promulguer des lois de conservation et de gestion des ressources génétiques en définissant les priorités en matière de conservation de ces ressources en synergie des compétences pour la protection des races contre leur utilisation abusive et incontrôlée.

Amélioration des méthodes de gestion des animaux d'élevage (identification des animaux, établissement des généalogies).

Installation d'un comité sectoriel des ressources génétiques pour assurer l'amélioration de la gestion des ressources génétiques.

Mise en place d'un réseau national recherche-développement-formation spécifique aux ressources génétiques animales en relation étroite avec les associations d'éleveurs et les experts dans ce domaine. Un tel réseau se chargerait du consulting dans les aspects suivants :

- Inventaire de la biodiversité.
- Orientations en matière de conservation et d'amélioration génétique animale ;
- Continuité et renforcement des travaux entrepris.
- Suggérer toutes actions nouvelles jugées nécessaires.
- Évaluer et valider les projets de recherche et développement relatifs aux ressources génétiques animales locales.







*Références  
bibliographiques*

## Références bibliographiques

- ✚
- ✚ **Abdelguerfi, A., Ramdane, S. (2003).** Evaluation des besoins en matière de renforcement des capacités à la conservation et à l'utilisation durable de la biodiversité importante pour l'agriculture. Projet alg/97/g31, plan d'action et stratégie nationale sur la biodiversité, alger,10,78p.
- ✚ **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.
- ✚ **Abubakar, GR., Ezewudo, EA., Egena, SSA., Usman, A. (2020).** Genetic density of Nigerian Indigenous Sheep breeds at the  $\beta$ Lactoglobulin gene locus. *Genet. Biod. J*, 4(2), 40-49, 2020. <https://ojs.un-tlemcen.dz/index.php/GABJ/article/view/758>
- ✚ **Adam Abied, Abulgasim M. Ahbara, Haile Berihulay, Lingyang Xu, Rabiul Islam, Faisal M. El-Hag, Mourad Rekik, Aynalem Haile, Jian-Lin Han, Yuehui Ma, Qianjun Zhao and Joram M. Mwacharo, 2021.** Genome Dergence and Dynamics in the Thin-Tailed Desert Sheep From Soudan *Front. Genet.*, 19 July 2021 | <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.659507>.
- ✚ **Adamou, A., Tekkouk-zemmouchi, F., Thorin, C., Brerhi, E.H., Borvon, A., Babelhadj, B. & Guintard, C. (2013).** Etude ostéo-biométrique de la « race » cameline algérienne sahraoui (*camelus dromedarius* l., 1758). *Revue méd. Vét.*,164, (5), p 230-244.
- ✚ **Adem, M. (2019).** Production of hide and skin in Ethiopia; marketing opportunities and constraints: A review paper. *Cogent Food & Agriculture*, 5(1), 1565078.
- ✚ **Adu, I. F., & Ngere, L. O. (1979).** The indigenous sheep of Nigeria. *World Review of Animal Production*.
- ✚ **Afri-Bouzebda, F., Djaout, A., Bouzebda Z., Belkhiri, Y. (2018).** Description barymé-trique de cinq races ovines algé-riennes., *Lest., Res., Rural Dev.*, 30., 62-70.
- ✚ **Aissaoui, C., Chibani, J. Et Bouzebda, Z. L'Afi. (2004).** Etude des variations de la production spermatique du bélier de race ouled djellal soumis à un régime pauvre. »*renc. Rech. Ruminants*,11, p402.
- ✚ **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.

- ✚ **Alderson L.1999.**The development of a system of linear measurements to provide an assessment of type and function of beef cathLe. *Animal Genetic Resources volume 25*: P 45-55. DOI: <https://doi.org/10.1017/S1014233900005782>
- ✚ **Alhajeri, Bader H., Alhaddad, H, Alaqueely, R, Alaskar, Huda, Dashti, Z, & Maraqa, T. (2021):** Camel breed morphometrics: current methods and possibilities, Transactions of the Royal Society of South Australia, DOI: 10.1080/03721426.2021.1889347
- ✚ **Allain, D., & Renieri C. (2010).** Genetics of fibre production and fleece characteristics in small ruminants, Angora rabbit and South American camelids. *Animal*, 4(9),1472-1481. doi:10.1017/S1751731110000029.
- ✚ **Álvarez, I., Fernández, I., Traoré, A. et al. (2020).**Genomic scan of selecte sweeps in Djallonké (West African Dwarf) sheep shed light on adaptation to harsh environments. *Sci Rep* 10, 2824 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-59839-x>
- ✚ **Ameur Ameur, A., Nazih, A., Benyoucef, M.T, Djaout, A, Azzi, N, Onur, Y., Cemal, I., Gaouar, S.B.S. (2020).**New genetic identification and characterization of Algerian sheep breeds by microsatellite markers. *Italian Journal of Animal Science (TJAS)*, doi10.1080/1828051X.2017.1335182. <http://dx.doi.org/10.1080/1828051X.2017.1335182>.
- ✚ **Ameur Ameur, A., Nezih, A. M., Djaout, A., Azzi, N., Yilmaz, O., Cemal, I., Gaouar, SBS. (2018).** New genetic identification and characterisation of 12 Algerian sheep breeds by microsatellite markers., *Italian Journal of Animal Science.*, 17:1., 38-48., DOI: 10.,1080/1828051X.,2017.,1335182.
- ✚ **Amura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S. (2013).** MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Mol. Bio. Evol.* 2725–2729. and impact. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2008, 105(33): 11597-11604. doi: 10.1073/pnas.0801317105.
- ✚ **Andru, J. (2012).** Les populations envahissantes de rongeurs en milieu agricole : une étude menée dans des cultures de grande échelle, les plantations de palmiers à huile en Indonésie - Ap-proche paysagère, génétique et écotoxicologique – Thèse de doctorat, Université de Lyon, France p180. *Animal. AICA* 3, 194-200.
- ✚ **ANGR. (2003).** Rapport national sur les ressources génétiques animale. Ministère de l’agriculture et du développement rural, 46p.

- ✚ **Ansari-Renani, H. R., Mueller, J. P., Rischkowsky, B., Momen, S. S., Alipour, O., Ehsani, M., & Moradi, S. (2012).** Cashmere quality of Raeini goats kept by nomads in Iran. *Small Ruminant Research*, 104(1-3), 10-16.
- ✚ **Baatouche, S., & Djellali, S. (2019).** *Etude des caractéristiques morphologiques de la race ovine dans la région Nord de Tébessa (ouenza)* (Doctoral dissertation, Unersite laarbi tebessi tebessa)
- ✚ **Baenyi, P., Meutchieye, F., Ayagirwe B.R., Bwihangane, B. A., Karume, K., Mushagalusa, N. G., Ngoula, F. (2018).** Biodersity of indigenous Djallonke sheep (Ovis areas) in Soudano Guinean region in Cameroon. *Gen. Biod. J.* 2(2): 1-10.
- ✚ **Bai, L., Zhou, H., Gong, H., Tao, J., Ma, Q., Ding, W., & Hickford, J. G. (2019).** Variation in the ovine KAP8-1 gene affects wool fibre uniformity in Chinese Tan sheep. *Small Ruminant Research*, 178, 18-21.  
<https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2019.07.008>
- ✚ **Baker, C. A., & Manwell, C. (1980).** Chemical classification of cattle. 1. Breed groups. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics*, 11(2), 127-150
- ✚ **Baker, R. L., Mugambi, J. M., Audho, J. O., Carles, A. B., & Thorpe, W. (2002, August).** Comparison of Red Maasai and Dorper sheep for resistance to gastro-intestinal nematode parasites, productity and efficiency in a humid and a semi-arid environment in Kenya. In *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Lestock Production* (Vol. 31, pp. 639-642).
- ✚ **Baril, G., chemineau, P., cognié, Y., guérin, Y., leboeuf, B., orgeur, P., et vallet, J.C. (1993).** Manuel de formation pour l'insémination artificielle chez les ovins et les caprins. Etude fao, production et santé animale, 83. Org 1993.
- ✚ **Baumung, R., Simianer, H., & Hoffmann, I. (2004).** Genetic dersity studies in farm animals—a survey. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 121(6), 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.
- ✚ **Bedhiaf-romdhani, S., Chahbani, I., Djemali, M. (2014).** Caractérisation phénotypique et moléculaire de l'espèce cameline au sud tunisien par des marqueurs AFLP., In séminaire inter-national sur l'élevage de la faune sauvage en milieux arides et desertiques., Djerba., tunisie., 16-18 décembre 2014.

- ✚ **Bedhiaf-Romdhani, S., Djemali, M., Zaklouta, M., & Iniguez, L. (2008).** Monitoring crossbreeding trends in nate Tunisian sheep breeds. *Small ruminant research*, 74(1-3), 274-278. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2007.07.008>.
- ✚ **Beh, KJ, Hulme, DJ, Callaghan, MJ, Leish, Z, Lenane, I, Windon, RG, Maddox, JF. (2002).** A genome scan for quantitative loci affecting resistance to *Trichostrongylus columbriformis* in sheep, *Anim Genet*; 33: 97–106.
- ✚ **Behnke, R., et Osman, HM. (2012).** The contribution of lestock to the soudanese Economy.
- ✚ **Belabdi, I., Ouhrouch, A., Lafri, M., Gaouar, S. B. S., Ciani, E., Benali, A. R., ... & Da Silva, A. (2019).** Genetic homogenization of indigenous sheep breeds in Northwest Africa. *Scientific Reports*, 9(1), 7920. <https://www.nature.com/articles/s41598-019-44137-y.pdf>
- ✚ **Belantar I, Tefiel H, Gaouar, SBS. (2019).** Caractérisation morphométrique, typologie de l'élevage caprin et études physico-chimique du lait de chèvres au niveau de la wilaya de relizane.
- ✚ **Belharfi, F Z., Djaout, A., AmeerAmeer, A., Gaouar, SBS. (2017).** Barymetriccharacteriza-tion of algerian sheep breeds in western Algeria., *Gen., Biodv.,J.*, 1(2): 31-11.
- ✚ **Belharfi, F. Z., Djaout, A., Ameer Ameer, A., Sahraoui, H., & Gaouar, S. B. S. (2018).** A compare study of wool quality in sheep breeds in western Algeria. *Genetics And Biodersity Journal (GABJ)*, 2(1), 19-25. <https://doi.org/10.46325/gabj.v2i1.113>
- ✚ **Belkhadem, S., Tefiel, H., Belantar, I., Chahbar, M., & Gaouar, S. B. S. (2019).** Discriminant analysis on the morphometry of local goats breed in the western of Algeria. *Genetics & Biodiversity Journal*, 3(2), 49-56.
- ✚ **Bemji, M. N., Ogunjimi, A. A., Ode, A. J., Okediji, S. R., Akinwunmi, A. T., Sanyaolu, T. O., ... & Ogundiyi, A. I. (2012).** Prevalence of coat colour phenotypes in West African Dwarf sheep reared by small holder farmers in South Western Nigeria. *American Journal of Experimental Agriculture*, 2(4), 587-596.
- ✚ **Bemji, M. N., Osinowo, O. A., Ehoche, O. W., & Aduku, A. O. (1996).** Birth weight and litter birth weight in Yankasa sheep: environmental factors and heritability estimates. *Nigerian Journal of Animal Production*, 23(1), 5-11.
- ✚ **Bemji, M. N., Osinowo, O. A., Ehoche, O. W., & Aduku, A. O. (2012).** Environmental Factors and Heritability Estimates of Lambing interval and Age at first

Laming in Yankasa Sheep under Contro. ASSET: An International Journal (Series A)}, 1(2), 37-44.

- ✚ **Ben Jemaa, S., Kdidi, S., Gdura, A. M., Dayhum, A. S., Eldaghayes, I. M., Boussaha, M., & Yahyaoui, M. H. (2019).** Inferring the population structure of the Maghreb sheep breeds using a medium- density SNP chip. *Animal genetics*, 50(5), 526-533. doi: 10.1111/age.12831
- ✚ **Ben Sassi-Zaidy, Y., Maretto, F., Charfi-Cheikrouha, F., Cassandro, M., (2014).** Genetic density, structure, and breed relationships in Tunisian sheep. *Small Ruminant .Research*. 119, 52–56. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2014.02.005>
- ✚ **Benhamadi MA, Kamel M, Gaouar SBS. 2016.** Mémoire master. Caractérisation morphométrique de la race équine Barbe dans le Nord-Ouest de l'Algérie.
- ✚ **Benyoucef, M.T., Madani, T., Abbas K. (2000).** Systèmes d'élevage et objectifs de sélection chez les ovins en situation semi-aride algérienne. *Options méditerranéennes. Série a. Séminaires méditerranéens.*, 43, 101-109.
- ✚ **Benyoucef, M.T.; Madani, T., Abbas, K. (2000).** Systèmes d'élevage et objectifs de sélection chez les ovins en situation semi-aride algérienne. *Options méditerranéennes. Série a. Séminaires méditerranéens.*, 43, 101-109.
- ✚ **Benyoucef, M.T.; madani, T.; Abbas, K. (2000).** Systèmes d'élevage et objectifs de sélection chez les ovins en situation semi-aride algérienne. *Options méditerranéennes. Série a. Séminaires méditerranéens.*, 43, 101-109.
- ✚ **Benzécri, JP. (1973).** Théorie de l'information et classification d'après un tableau de contingence. *L'analyse des données*, tome 1, Ed. Dunod, Paris.
- ✚ **Bijlsma, R.; Loeschcke, V.** Genetic erosion impedes adapte responses to stressful environments. *Evol. Appl.* 2012, 5, 117–129. [Google Scholar] [CrossRef] [PubMed]
- ✚ **Blench, R. (2001).** 'You Can't Go Home Again': Pastoralism in the New Millennium (p. 103). London: Overseas Development Institute.
- ✚ **Boichard, D., Le Roy, P., Levéziel, H., Elsen, JM., (1998).** Utilisation des marqueurs moléculaires en génétique animale, *INRA Prod, Anim*, 11(1) : 67-80.
- ✚ **Boin, N., & Fuller, D. Q. (2009).** Shell middens, ships and seeds: Exploring coastal subsistence, maritime trade and the dispersal of domesticates in and around the ancient Arabian Peninsula. *Journal of World Prehistory*, 22, 113-180.
- ✚ **Bonfoglioli, A.M. (1992).** Pastoralist at the crossroads: Surval and development issues in African pastoralism. *Nomadic Pastoralists in Africa Project, UNICEF/UNSO*, 177 p.



- ✚ **Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., & Davis, R. W. (1980).** Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American journal of human genetics*, 32(3), 314.
- ✚ **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.
- ✚ **Botstein, D., White, RL., Skolnick, M., Davis., RW. (1980).** Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms, *Am J Hum Genet*, 32(3):314- 31.
- ✚ **Boubekeur A., Benyoucef M.T., Lounassi M., Slimani A. & Amiali M. (2015).** Phenotypic characteristics of Algerian d'man sheep breed in adrar oases. *Lestock research for rural development*, 27 (7).
- ✚ **Boubekeur A., Benyoucef M.T., Lounassi M., Slimani A., and Amiali M., 2015a.** Phenotypic characteristics of Algerian d'man sheep breed in Adrar oases. *Lestock Research for Rural Development*, 27 (7).
- ✚ **Boubekeur, A., Benyoucef, M.T., Benidir, M., Slimani, A., Maaref, A., Lounassi, M. (2019).** Qualité reproductive des brebisD'manen oasis algériennes. *Lestock Research for Rural Development* 31 (8).
- ✚ **Bouix J et Kadiri M., 1975.** Un des éléments majeurs de la mise en valeur des palmeraies : la race ovine d'man. *CIHEAM - Options Méditerranéennes. No 26. P : 87-93.*
- ✚ **Bouix, J Et kadiri, M. (1971).** Un des éléments majeurs de la mise en valeur des palmeraies : la race ovine d'man.options méditerranéennes - no 26.
- ✚ **Bouix, J., et kadiri, M. (1975).** Un des éléments majeurs de la mise en valeur des palmeraies : la race ovine d'man. *Ciheam - options méditerranéennes. No 26. P : 87-93.*
- ✚ **Boujenane, B. I., Chafik, A., & Benbihi, M. (1999).** Heterosis retained in different generations of inter se mating between D'man and Sardi sheep. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 116(2), 151-159.
- ✚ **Boujenane, I. (1999).** Les ressources génétiques ovines au Maroc, Actes Editions, Rabat, 136p.
- ✚ **Boujenane, I. (1999).** Les ressources génétiques ovines au Maroc. Actes Editions, Rabat, 136p.

- ✚ **Boujenane, I. (2005).** La race preLifique ovine D'man: Productité et voies de valorisation en dehors de l'oasis. Transfert de la techneLogie en agriculture, Som 130, Rabat, Actes Editions, Maroc. 15-56.
- ✚ **Boujenane, I., (1994).** Les ressources génétiques ovines au Maroc. Rabat, Maroc, Actes Editions, 136 p.
- ✚ **Boujenane, I., Ait Bihi, N., Bokallouche, A. (1995).** Amélioration génétique des ovins au Maroc. In :Gabiña D. (ed.). *Strategies for sheep and goat breeding*. Zaragoza : CIHEAM- p. 1 09 -11 9 (CahierOption s Méditerranéen n es; n .11).
- ✚ **Boukhliq R. (2002).** Cours en ligne sur la reproduction ovine. Dépt. Reproduction animale, iav hassen **Boukhliq R. (2007).** Intensification des systèmes de production ovine au maroc. Cours sur la reproduction ovine. Dmv, phd, départ. Reprod. Anim. Iav. Hassen ii maroc.
- ✚ **Boukhliq, R. (2002).** Cours en ligne sur la reproduction ovine. Cours 1. Agriculture et élevage ovin au Maroc. Institut Agronomique et Vétérinaire Hassan II. IAV Hassan II – 2002.
- ✚ **Boukhliq, R. (2007).** Intensification des systèmes de production ovine au maroc. Cours sur la reproduction ovine. Dmv, phd, départ. Reprod. Anim. Iav. Hassen II Maroc.
- ✚ **Bousman, C. B. (1998).** The chronological evidence for the introduction of domestic stock into southern Africa. *African Archaeological Review*, 15, 133-150.
- ✚ **Boussena S., Bouaziz, O., Hireche, S., Derqaoui, I., Dib, A.L., Moula, N. (2016).** Apparition de la puberté chez les agneaux mâles de race ouled djellal. *Revue méd. Vét.* 167, 9-10, 274-282p.
- ✚ **Boutonnet, J.P., Griffon, M., Viallet, D. (2001).** Compétitivité des productions animale en Afrique subsaharienne et à Madagascar : synthèse générale. MAE, Ministère de la coopération et du développement, Paris, France, 191p.
- ✚ **Bowles, D. (2015).** Recent advances in understanding the genetic resources of sheep breeds locally-adapted to the UK uplands: Opportunities they offer for sustainable productivity. *Frontiers in Genetics*, 6. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00024>
- ✚ **Bowling, AT., Del Valle, A., Bowling, M. (2000).** A pedigree- based study of mitochondrial Dloop DNA sequence variation among Arabian horses, *Anim, Genet.*, 31, 1–7, In Aberle et al 2007.
- ✚ **Broers, P. (1994).** Abrégé de reproduction animale. Edition intervet international b.v.

- ✚ **Bronson, H.F. (1986).** Food-restricted prepubertal female rats : rapid recovery of luteinizing hormone pulsing with excess food, and full recovery of pubertal development with gonadotropin-releasing hormone; *Endocrinologie*, 1986,118,2483-2487.
- ✚ **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).
- ✚ **Bumgarner, R. (2013).** DNA microarrays: Types, Applications and their future. *Curr Protoc Mol Biol* 0 22, Unit-22.1.
- ✚ **Bunch, TD, Vorontsov, NN, Lyapunova, E A, Hoffmann, RS. (1998).** Chromosome number of Severtzov's sheep (*Ovis ammon severtzovi*): G-banded karyotype comparisons within *Ovis*. *J. Heredity* 89: 266–269.
- ✚ **Cabee M. (1959).** « le mouton en Algérie.»bulletin technique des ingénieurs des services agricoles, 1959, 142, p511-524.
- ✚ **Callou, c. (2005).** Entre suisse et soudan : constitution d'un référentiel de caractères ostéoscopiques chez le mouton *Ovis aries linnaeus*, 1758. *Revue de paléobiologie*. Genève. *Volspéc-10* : 303-314.
- ✚ **Camus–Kulandaelu. (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.
- ✚ **Cattell, R. B. (1966).** The screen test for the number of factors. *Multivariate behavioral research*, 1(2), 245-276. [https://doi.org/10.1207/s15327906mbr0102\\_10](https://doi.org/10.1207/s15327906mbr0102_10)
- ✚ Central Statistical Authority. (2011) *Agricultural sample survey, 2010/11 (2003 E.C.)*, Volume II: Report on livestock and livestock characteristics (Prate peasant holdings) (Statistical Bulletin 505). Addis Ababa: Author.
- ✚ **Cerqueira, J O L., Feás, X., Iglesia, A., Pacheco, L F and Araújo, J P P. (2011).** Morphological traits in Portuguese Bordaleira de Entre Douro e Minho sheep: Divergence of the breed. *Animal Production Sciences* 51: 635–41.
- ✚ **Chacón, E., Macedo, F., Velázquez, F., Paa, S R., Pineda, E., and McManus, C. (2011).** Morphological measurements and body indexes for Cuban CreeLe goats and their crossbreds. *Revista Brasileira de Zootecnia*40(8): 1671–79.

- ✚ **Chalh, A., El Gazzah, M., Djemali, M., & Chalbi, N. (2007).** Genetic and phenotypic characterization of the Tunisian Noire De Thibar lambs on their growth traits. *Journal of Biological Sciences*, 7, 1347-1353. doi: 10.3923/jbs.2007.1347.1353
- ✚ **Chambers, GK., MacAvoy, ES. (2000).** Microsatellites : consensus and controversy, *Comparate 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.
- ✚ **Chekkal, F., Benguega, Z. Meradi, S., Berredjouh, D., Boudibi, S et Lakhdari F. (2015).** Guide de caractérisatioin phénotypique des races ovines de l'Algérie Édition CRSTRA., ISBN: 978-9931-438-04-5.
- ✚ **Chekkal, F., Benguega, Z., Meradi, S., Berredjouh, D., Boudibi, S., Lakhdari, F. (2015).** Guide de caractérisation phénotypique des races ovines de l'algérie, Édition CRSTRA, ISBN : 978- 9931-438-04 5.
- ✚ **Chellig, R. (1992).** Les races ovines algériennes, Editions, Office des Publications Unersitaires, Alger, p 80.
- ✚ **Chemmam, N., moujahed\*, R., Ouzrout et Kayouli, C. (2009).** Variations des performances chez la brebis "ouled djelle" sur pâturage dans le sud-est de l'algérie: effets de la saison et de la complémentation, 2009.
- ✚ **Cherifi, Y. A., Gaouar, S. B. S., Moussi, N., N., T. A., Saïdi-Mehtar, N, (2013).** Study of Camelina biodiversity in southwestern of Algeria, *Journal of life sciences*, Vol. 7, 416– 427.
- ✚ **Chikhi, A and Boujenane I. (2003).** Caractérisation zootechnique des ovins de race Sardi au Maroc., *Rev., Élev., Méd., vét., Pays Trop.*, 56(3)., 187-192.
- ✚ **Chikhi, A., Boujenane, I. (2005).** L'élevage du mouton et ses systèmes de production au Mroc : Chapitre 12 : Caractérisation zootechnique et génétique des races ovines Boujaad et Sardi, Ed, Bouchaib Boulanouar, Raymond Paquay, INRA, Rabat, Maroc, p201-212.
- ✚ **Chikhi, A., Boujenane, I. (2005).** L'élevage du mouton et ses systèmes de production au Mroc : Chapitre 12 : Caractérisation zootechnique et génétique des races ovines Boujaad et Sardi, Ed, Bouchaib Boulanouar, Raymond Paquay, INRA, Rabat, Maroc, p201-212.
- ✚ **Ciani E. Ciampolini R. D'Andrea M. Castellana E. Cecchi Incoronato C et al. 2013.** Analysis of genetic variability within and among Italian sheep breeds reveals

population strati-fication and suggests the presence of a phylogeographic gradient., Small Ruminant Research 112: 21-27.

- ✚ **Clark, J. D. (1976).** The domestication process in sub-Saharan Africa with special reference to Ethiopia. In *Origine de l'élevage et de la domestication*, Nice: IX Congrès UISPP, colloque 20, pré tirage (pp. 56-115). Paris.
- ✚ **Close, A. E. (1992).** Holocene occupation of the Eastern Sahara. *New Light on the Northeast African Past: Current Prehistoric Research*, 155-183.
- ✚ **Close, A.E. & Wendorf, F. (1992).** The beginnings of food-production in the Eastern Sahara, in Gebauer, A.B. & Price, T.D. (ed.), *Transitions to agriculture in prehistory*. 63–72. Madison (WI): Prehistory Press.
- ✚ **Cockett, NE, Shay, TL, Beever, JE, Nielsen, D, Albretsen, J, Georges, M, Peterson, K, Stephens, A, Vernon, W, Timofeevskaia, O, South, S, Mork, J, Maciulis, A, Bunch, TD, (1999).** Localization of the locus causing spider lamb syndrome to the distal end of ovine chromosome 6, *Mamm Genome* 10:35–38.
- ✚ **Cooke, C. K. (1965).** Evidence of human migrations from the rock art of southern Rhodesia. *Africa*, 35(3), 263-285.
- ✚ **Crow, JF. Kimura, M. (1970).** An introduction to population genetics theory. Harper et Row, New-York.
- ✚ **Cui, Y., Yan, H., Wang, K., Xu, H., Zhang, X., ... Pan, C. (2018).** Insertion/deletion within the KDM6A gene is significantly associated with litter size in goat *Frontiers in Genetics*, 9, 91, <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00091>
- ✚ **Cuillermou, Y. (1993).** Survie et ordre social au Sahara. *Cah. Sci. Hum*, 29(1), 721-738.
- ✚ **DAGRIS, (2007).** Domestic Animal Genetic Ressources Information System. Addis Ababa. Ethiopia.
- ✚ **Dale, B. A., Lonsdale-Eccles, J. D. & Holbrook, K. A. (1980).** Stratum corneum basic protein: an interfilamentous matrix protein of epidermal keratin. *Current Problems in Dermatology*.10, 311–325.
- ✚ **Dayo, G.-K., Houaga, I., Somda, M. B., Linguelegue, A., Ira, M., Konkobo, M., Djassi, B., Gomes, J., Sangare, M., Cassama, B ., & Yapi-Gnaore, C.V. (2021).** Morphological and Microsatellite DNA Density of Djallonké Sheep in Guinea-Bissau [Preprint]. In Review. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-275691/v1>

- ✚ **Dehimi, M L ., Dib, Y and Slimani, A. (2001).** Management of Sheep Reproduction by using the Ram Effect in Mashreq-Maghreb Project Newsletter : Sidi Fredj and M'toussa Communities in Algeria 19: 28-30.
- ✚ **Dekhili, M and Aggoun A. (2013).** Path coefficient analysis of body weight and biometric traits in Ouled-Djellal breed (Algeria). *Revue Agriculture* **06**: 41–46.
- ✚ **Dekhili, M.(2010).** Fertilité des élevages ovins type hodna menés en extensif dans la région de sétif. »agronomie numéro, 2010, 0, 7p.
- ✚ **Delacretaz Wolff, A.S. (1997).** Genetic and serological studies of sheep blood group systems (Doctoral dissertation, ETH Zurich).
- ✚ **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.
- ✚ **Delgado, J.V., Barba, C., Camacho, M.E., Sereno, F.T.P.S., Martinez, A. & Vega- Pla, J.L. (2001).**Caracterización de los animale domésticos en España. *Animal GeneticResources Information*, 29: 7–18.
- ✚ **Demars, J., Cano, M., Drouilhet, L., Plisson-Petit, F., Bardou, P., Fabre, S., ... Allain, D. (2017).** Genome-wide identification of the mutation underlying fleece variation and discriminating ancestral hairy species from modern woolly sheep. *Molecular biology and evolution*, 34(7), 1722-1729. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx114>
- ✚ **Deribe, B., Beyene, D., Dagne, K., Getachew, T., Gizaw, S., & Abebe, A. (2021).** Morphological diversity of northeastern fat-tailed and northwestern thin-tailed indigenous sheep breeds of Ethiopia. *Heliyon*, 7(7), e07472.
- ✚ **Derquaoui, L., Boukhliq, R., & Lahlou-Kassi, A. (1992).** Puberté chez la race D'man, la race Sardi et leur produit de croisement. In *Small Ruminant Research and Development in Africa: Proceedings of the First Biennial Conference of the African Small Ruminant Research Network, ILRAD, Nairobi, Kenya, 10-14 December 1990* (p. 207). ILRI (aka ILCA and ILRAD).
- ✚ **Dierks, C., Lehner, S., Philipp, U. & Distl, O. (2013).** Elimination of keratin 71 as candidate for hairlessness in Don Sphynx cats. *Anim. Genet.* **44**, 607. doi: [10.1111/age.12068](https://doi.org/10.1111/age.12068)
- ✚ **Diez-Tascon, C, Bayon, Y, Arranz, JJ, De La Fuente, F, San Primitivo, F. (2001).** Mapping quantitative trait loci for milk production traits on ovine chromosome 6, *J Dairy Res*; 68:389–397.

- ✚ **Djaout, A., Afri-Bouzebda, F., Bouzebda, Z., Benidir, M. (2018b).** Morphological characterization and study of zootechnical indexes of Berbere sheep in Eastern Algeria., *Indian J., Anim., Sci.*, 88(6), 706-713.
- ✚ **Djaout, A., Afri-Bouzebda, F., Bouzebda, Z., Benidir, M., Belkhiri, Y. (2018a).** Application of linear body measurements for predicting the weight in Ouled Djellal breed., *Indian J., Anim., Sci.*, 88(8), 966-971.
- ✚ **Djaout, A., Afri-Bouzebda, F., Bouzebda, Z., Routel, D., Benidir, M., Belkhiri, Y. (2015).** Morphological characterization of the Rembi sheep population in the Tiaret area (West of Algeria), *Indian J., Anim., Sci.*, 85, 386-391.
- ✚ **Djaout, A., Afri-Bouzebda, F., Chekal, F., El-Bouyahiaoui, R., Rabhi, A., Boubekeur, A., Benidir, M., AmeurAmeur, A, Gaouar, S.B.S. (2017).** État de la biodiversité des «races» ovines algériennes, *Gen. Biod. J.* 1(1) 1-17.
- ✚ **Djaout, A., Afri-Bouzebda, F., Chekal, F., El-Bouyahiaoui, R., Rabhi, A., Boubekeur A. Benidir, M., Ameur Ameur, A., Gaouar, SBS. (2017).** État de la biodiversité des «races» ovines algériennes., *Gen., Biod., J.*, 1(1) 1-17.,p., 1-16.
- ✚ **Djaout, A., Chiappini, B., Gaouar, S. B. S., Afri-Bouzebda, F., Conte, M., Chekkal, F., ... & Vaccari, G. (2018).** Biodiversity and selection for scrapie resistance in sheep: genetic polymorphism in eight breeds of Algeria. *Journal of genetics*, 97, 453-461.
- ✚ **Djemali, M. (2000).** Genetic improvement objectives of sheep and goats in Tunisia. Lessons learned. Analysis and definition of the objectives in genetic improvement programs in sheep and goats. *Opt. Mediterraneennes Ser. A : Semin. Mediterraneennes (France)* 43, 121–127.
- ✚ **Dominique, S. (2001).** Zootechnie générale tome I. La reproduction des animaux d'élevage. Collection sciences et techniques agricoles. 3ème édition 2001. 232 p.
- ✚ **Drake, N. A., Blench, R. M., Armitage, S. J., Bristow, C. S., & White, K. H. (2011).** Ancient watercourses and biogeography of the Sahara explain the peopling of the desert. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108(2), 458-462.
- ✚ **Dray S, Dufour A-B et al (2007).** The ade4 package: implementing the duality diagram for ecologists. *J Stat Softw* 22:1–20
- ✚ **Dudouet C. (2003).** La production du mouton : produire mieux ; france agricole 2ème édition ; editions. 287 p..
- ✚ **Dyrmondsson, O.R. (1973).** Puberty and early reproductive performance in sheep. I: ewe lambs. *Animal breeding abstracts*41:273-289. 1973. Dyrmondsson o.r., 1981.



Natural factors affecting puberty and reproductive performance in ewe lambs: a review. *Livestock production science* 8:55-65. 1981.

- ✚ **Dyrmondsson, O.R. (1987).** Advancement of puberty in male and female sheep. In: new techniques in sheep production. Publié sous la direction de i.f. marai et j.b. owen. Butterworth, Londres (r.-u.). 1987.
- ✚ **Earl, D. A. , & von Holdt, B. M. (2012).** STRUCTURE HARVESTER: A website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*. 4, 359–361. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>
- ✚ **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.
- ✚ **Ebrahimi, F., Gholizadeh, M., Rahimi-Mianji, G., &Farhadi, A. (2017).** Detection of QTL for greasy fleece weight in sheep using a 50 K single nucleotide polymorphism chip. *Tropical animal health and production*, 49(8), 1657-1662. <https://doi.org/10.1007/s11250-017-1373-x>.
- ✚ **El Bouyahiaoui R and Moulla F 2015.** Populations ovines locales algériennes de la kabylie : Ressources génétiques animale méconnues et en danger d’extinction., In Workshop National: Valorisation des «races» locales ovines et caprines à faibles effectifs « Un **Rege** réservoir de diversité génétique pour le développement local »,02-03 Mars 2015., INRAA., Alger.
- ✚ **El-Bouyahiaoui R. 2017.** Caractéristiques morphogénétiques et performances zootechniques de la race ovine «Tazegzawt» endémique de la Kabylie., Ph D., Thesis., Algeria Un., Algeria., North Africa.
- ✚ **El- Bouyahiaoui, R., Belkheir, B., Moulla, F., Mansouri, H., Benidir, M., Djaout, A. (2021).** Morphological Characterization and Study of Zootechnical Indices of Tazegzawt Sheep Population in Eastern Algeria., *Iranian Journal of Applied Animal Science*., 11(4), 741-748.
- ✚ **El-Bouyahyaoui, Arbouche F., Ghozlane, F., Moulla, F., Belkheir, B., Bentrhoua, A., Hidra, H., Mansouri, H., Iguerouada, M., Bellahreche, A., Djaout A. (2015).** Répartition et phéno-type de la race ovine bleue de Kabylie ou Tazegzawt (Algérie)., *LivestockResearch for Rural Development* 27 (10) 214-224.
- ✚ **Elphick, R. (1985).** Khoikhoi and the founding of white Afrique du Sud. Ravan Press.



- ✚ **Esquelzeta, C., Fina, M., Bach, R., Madruga, C., Caja, G., Casellas, J and Piedrafita J. (2011).** Morphological analysis and subpopulation characterization of RipeLlesa sheep breed. *Animal Genetic Resources* **49**: 9–17.
- ✚ **Evanno, G., Regnaut, S., Goudet. (2005).** Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study, *MolEcol*, 14: 2611–2620.
- ✚ **Excoffier, L., Laval, G., and Schneider, S. (2005).** Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1, 47–50. <https://doi.org/10.1177/117693430500100003>
- ✚ **Excoffier, L., Lischer, H.E.L. (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.
- ✚ **Fantazi, K., Tolone, M., Amato, B., Sahraoui, H., di Marco, L. P. V., La Giglia, M., ... & Vitale, M. (2017).** Characterization of morphological traits in Algerian indigenous goats by multivariate analysis. *Genetics & Biodiversity Journal*, 1(2), 20-30.
- ✚ **FAO, (2007).** The state of the world's animal genetic resources for food and agriculture, Manuel de formation.
- ✚ **FAO. (2004).** Measurement of domestic animal density – a review of recent density studies, Commission on Genetic resources for Food and Agriculture – Working group on animal genetic resources for food and agriculture, 3ème session, Rome, 31 mars-2 avril 2004, p 38.
- ✚ **FAO. (2007).** The state of the world's animal genetic resources for food and agriculture, Manuel de formation.
- ✚ **FAO. (2013).** Caractérisation phénotypique des ressources génétiques animale., Directes fao sur la production et la santé animale no., 11., Rome., Fao., 2013., P 151.,
- ✚ **FAOSTAT, (2019).** Food and Agriculture Organizations of United Nations.
- ✚ **FAOSTAT, 2012.** <https://www.fao.org/3/i3028e/i3028e.pdf>
- ✚ **Feliachi, K., Kerboua, M., Abdelfettah, M., Ouakli K., Selhab, F., Boudjakdji, A., Takoucht, A., Benani, z., Zemour, A., Belhadj, N., Rahmani, M., Khecha, A., Haba, A. & Ghenim, H. (2003).** Commission nationale ANGR : rapport national sur les ressources génétiques animale : Algérie. Point focal algérien pour les ressources génétiques. Direction générale de l'INRAA. Ministère de l'agriculture et du développement rural (MADR).

- ✚ **Felsenstein, J. (1985).** Confidence limits on phylogenies: 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.
- ✚ **Ferreira JSB. Caetano AR Paa SR. Silva EC. Façanha DAE. McManus CM de Sousa MAN 2014** Genetic density and population structure of different varieties of Morada Nova hair sheep from Brazil., *Genet., Mol., Res.*, 13 (2): 2480-2490
- ✚ **Foley, J. A., DeFries, R., Asner, G. P., Barford, C., Bonan, G., Carpenter, S. R., ... & Snyder, P. K. (2005).** Global consequences of land use. *science*, 309(5734), 570-574.
- ✚ **Foster, D.L. (1981).** Mechanisms for delay of first ovulation in lambs born in the wrong season (fall). *Biology of reproduction*, 25:85-92. 1981.
- ✚ **Foster, D.L., Yellon, S.M. et Olster, D.H. (1985).** internal and external determinants of the timing of puberty in the female. *Journal of reproduction and fertility* 75: 327-344.1985.
- ✚ **Fotsa JC 2008** Caractérisation des populations de poules locales (*Gallus gallus*) au Cameroun., PhD thesis, AgroParisTech, p. 301.
- ✚ **Fotsa, JC. (2008).** Caractérisation des populations de poules locales (*Gallus gallus*) au Cameroun. Ph.D thesis, AgroParisTech, p. 301.
- ✚ **Fouché, (2006).** modification morphologique des ovins. slovaquie, 94 p. Edition JB Baillièrè fils, Paris.p78.
- ✚ **Fournier., A (2006).** L'élevage des moutons. Edition artemis, slovaquie, 94 p.
- ✚ **Freking, BA, Murphy, SK, Wylie, AA, Rhodes, SJ, Keele, JW. (2002).** Identification of the single base change causing the callipyge muscle hypertrophy phenotype, the only known example of polar overdominance in mammals, *Genome Res* 12:1496–1506.
- ✚ **Gabiña, D. (1989).** Improvement of the reproductive performance of rasa aragonesa flocks in frequent lambing systems. I. Effects of management system, age of ewe and season. *Lest. Prod. Sci.*, 22, 69-85. 1989.
- ✚ **Gaouar S.B.S. Kdidi S. Tabet Aouel N. Aïtyahia R. Boushaba N. Aouissat M. Saidi-Mehtar N. 2015a** Investigation of genetic relationships among Hamra and Beni-Ighil sheep breeds based on microsatellite markers, *Small Rumin Res*, 90:101–108.

- ✚ **Gaouar S.B.S., 2002.** Contribution à l'étude de la variabilité génétique des races ovines par l'utilisation des microsatellites : Caractérisation de deux races ovine algériennes Hamra et Ouled-Djellal. Thèse de Magistère, spécialité génétique, option : polymorphisme génétique, Laboratoire de biologie moléculaire et génétique, Institut des sciences de la nature, Université d'Es-Sénia, Oran, 117p.
- ✚ **Gaouar S.B.S., 2009.** Etude de la biodiversité : Analyse de la variabilité génétique des races ovines algériennes et de leurs relations phylogénétiques par l'utilisation de microsatellites. Thèse de Doctorat, spécialité génétique, option : polymorphisme génétique, Laboratoire de biologie moléculaire et génétique, Institut des sciences de la nature, Université d'Es-Sénia, Oran, 94p.
- ✚ **Gaouar SBS, Da Silva A, Ciani E, Kdidi S, Aouissat M, Dhimi L, Lafri M, Maftah A, Mehtar N, 2015b.** Admixture and local breed marginalization threaten Algerian sheep density, PLoS One, 10:e0122667.
- ✚ **Gaouar SBS, Kdidi S, Ouragh L, 2016a.** Estimating population structure and genetic density of fe Moroccan sheep breeds by microsatellite markers, Small Rumin Res, 144:23–27.
- ✚ **Gaouar SBS, Kdidi S, TabetAouel N, Aït-Yahia R, Boushaba N, Aouissat M, Dhimi L, Yahyaoui MH, Saidi-Mehtar N. 2014.** Genetic admixture of NorthAfrican ovine breeds as revealed by microsatellite loci. Lest Res Rural Dev. 26:7
- ✚ **Gaouar SBS, Kdure of NorthAfrican ovine breeds as revealed by microsatellite - Mehtar N, 2015a.** Investigation of genetic relationships among Hamra and Beni-Ighil sheep breeds based on microsatellite markers, Small Rumin Res, 90:101–108.
- ✚ **Gaouar SBS. 2002.** Contribution à l'étude moléculaire de la variabilité e génétique : caracté-risation de deux races ovines algériennes [Thèse de Magister], Université des sciences et de technologie d'Oran (USTO).
- ✚ **Gaouar SBS. 2009.** Etude de la biodiversité : Analyse de la variabilité génétique des races ovines algériennes et de leurs relations phylogénétiques par l'utilisation des microsatellites, Thèse de Doctorat, Université des sciences et de technologie d'Oran (USTO).
- ✚ **Gaouar SBS. Da Silva A. Ciani E. Kdidi S. Aouissat M. Dhimi L. Lafri M. Maftah A. Mehtar N. 2015b** Admixture and local breed marginalization threaten Algerian sheep densi-ty, PLoS One, 10:e0122667.

- ✚ **Gaouar SBS. Kdidi S. Ouragh L 2016a** Estimating population structure and genetic density of fe Moroccan sheep breeds by microsatellite markers, *Small Rumin Res*, 144:23–27.
- ✚ **Gaouar SBS. Kdidi S. Tabet Aouel N. Aït-Yahia R. Boushaba N. Aouissat M. Dhimi L. Yahyaoui MH. Saidi-Mehtar N 2014** Genetic admixture of NorthAfrican ovine breeds as revealed by microsatellite loci, *Lest Res Rural Dev*, 26:7.
- ✚ **Gaouar SBS. Lafri M. Djaout A. El-Bouyahiaoui R. Bouri A. Bouchatal A. Maftah A. Ciani E Da Silva A 2016** Genome-wideanalysis highlights genetic dilution in Algerian sheep., *Heredity*., 1-9., <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27624116>
- ✚ **Gaouar, S B S, S., Kdidi, N., Tabet Aouel, R., Aït-Yahia, N., Boushaba, M., Aouissat, L Dhimi, M H., Yahyaoui, and Saidi-Mehtar, N.(2014).** Genetic admixture of North-African ovine breeds as revealed by microsatellite loci. *Lestock Research for Rural Development* 26 (7) 2014
- ✚ **Gaouar, S., Tabet-Aoul N., Khaïb, dit Naïb O., Hamouda, L., Boushaba, N., Brahmi N., Aouissat, M., Dhimi, L., Saïdi-Mehtar, N. (2011 ).** Genetic variability and phylogenetic relationships of ovine Algerian breeds using microsatellites. *New trends for innovation in the Mediterranean animal production*, EAAP publication No. 129, 52-54. 2011 [https://link.springer.com/chapter/10.3920%2F978-90-8686-726-4\\_5](https://link.springer.com/chapter/10.3920%2F978-90-8686-726-4_5)
- ✚ **Gaouar, SBS., Lafri M., Djaout, A., El-Bouyahiaoui, R., Bouri A., Bouchatal Amel, Maftah Abderrahman, Ciani Elena, Da Silva, A. (2016).** Genome-wide analysis highlights genetic dilution in Algerian sheep. *Heredity* (2016), 1-9.<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27624116>.
- ✚ **Gaouar, SBS., Tabet-Aoul, N., and Saïdi-Mehtar, N., (2004).** Genetic density in Algerian sheep breeds, using microsatellite markers, by KLUWER ACADEMIC/PLENUM PUBLISHERS New York, U.S.A. *Applications of Gene-Based Technologies for Improving Animal Production and Health in Developing Countries* pp 641-644. 2005 IAEA. Printed in the Netherlands.
- ✚ **Gaouar, SBS., Tabet-Aoul, N., Saïdi-Mehtar, N. (2004).** Genetic density in Algerian sheep breeds, using microsatellite markers, by KLUWER ACADEMIC/PLENUM PUBLISHERS New York, U.S.A. *Applications of Gene-Based Technologies for Improving Animal Production and Health in Developing Countries* pp 641-644. 2005 IAEA. Printed in the Netherlands.

- ✚ **Garcea, E. A. (2004).** An alternate way towards food production: the perspective from the Libyan Sahara. *Journal of World Prehistory*, 18, 107-154.
- ✚ **Gatenby, R.M. (2006).** sheep production in the tropics. Longman publisher, London.
- ✚ **Gautier, A. (1987).** Prehistoric men and cattle in North Africa: a dearth of data and a surfeit of models. In Close, A. E. (ed.), *Prehistory of Arid North Africa, Essays in Honor of Fred Wendorf*, Southern Methodist University Press, Dallas, pp. 163–187.
- ✚ **Gayraud, V. (2007).** Physiologie de la lactation. *INRA, Phys. et Toxi. Exp.*
- ✚ **Gebre, K. T., TG, Y. K. T., & Gebremariam, T. (2018).** Production objectives, selection criteria and breeding practices of afar sheep in Abaala, afar region, Ethiopia. *Journal of the Drylands*, 8(2), 834-845.
- ✚ **Gebremichael, S. G. (2008).** Sheep resources of Ethiopia: genetic diversity and breeding strategy. Wageningen University and Research.
- ✚ **Getachew, T., Alemu, B., Sölkner, J., Gizaw, S., Haile, A., Gosheme, S., & Notter, D. R. (2015).** Relative resistance of Menz and Washera sheep breeds to artificial infection with *Haemonchus contortus* in the highlands of Ethiopia. *Tropical animal health and production*, 47, 961-968.
- ✚ **Ghernouti N., Bodinier, N., Ranebi, D., Maftah, Petit, D., Gaouar, S.B.S.. (2017).** Control Region of mtDNA identifies three migration events of sheep breeds in Algeria. 5 September 2017, RUMIN p, 0921-4488. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2017.09.003>
- ✚ **Ghoreishifar, S. M., Rochus, C. M., Moghaddaszadeh-Ahrabi, S., Davoudi, P., Ardestani, S. S., Zinovieva, N. A., & Johansson, A. M. (2021).** Shared ancestry and signatures of recent selection in gotland sheep. *Genes*, 12(3), 433. <https://doi.org/10.3390/genes12030433>
- ✚ **GIBSON, J., AYALEW, W., & HANOTTE, O. (2012).** Diversity measures as inputs to decision-making related to the conservation of livestock genetic resources. Published by Bioversity International Copyright © 2012 Bioversity International.
- ✚ **Gilman, A. (1975).** *The later prehistory of Tangier, Morocco*. Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, Harvard University.
- ✚ **Gizaw, S., Komen, H., & van Arendonk, J. A. (2010).** Participatory definition of breeding objectives and selection indexes for sheep breeding in traditional systems. *Livestock Science*, 128(1-3), 67-74.

- ✚ **Gong H., Zhou H., Forrest R. H. J., Li S., Wang J., Dyer J. M., et al. 2016.** Wool Keratin-Associated Protein Genes in Sheep—A Review. *Genes*.7(6):24. <https://doi.org/10.3390/genes7060024>
- ✚ **Goudet, J. (2001).** FSTAT (Version 2,9,3). A Program to Estimate and Test Gene Densities and Fixation Indices, Lausanne, Switzerland: Unersity of Lausanne.
- ✚ **Grigalinuaitė, I., tapio, M., et kantanen, J. (2002).** characterisation of genetic dersity in domestic sheep, maaseutukeskusten liiton julkaisuja (2002) : 977, p.241-243.
- ✚ **Grosclaude, F. (1988) .** Le polymorphisme génétique des principales lactoprotéines bovines. *Inra productions animals*. 1. 5- 17.
- ✚ **Grosclaude, F. (1988).** The genetic polymorphism of the main bovine lactoproteins. Relations with the quantity, composition and cheese-making qualities of milk. *Animal productions*, 1(1), 5-17.
- ✚ **Grosclaude, F., Mercier, J. C., LEVÉZIEL, H., & GELLIN, J. (1996).** The molecular genetics of livestock species: from blood groups to genome mapping.
- ✚ **Guang- Xin, E., Zhong, T., Ma, Y. H., Gao, H. J., He, J. N., Liu, N., ... & Huang, Y. F. 2016.** Conservation genetics in Chinese sheep: dersity of fourteen indigenous sheep (*Ovis aries*) using microsatellite markers. *EceLogy and eveLution*, 6(3), 810.
- ✚ **Guldbrandtsen, B. (2014).** Proceedings, 10<sup>th</sup> World Congress of Genetics Applied to Lestock Production Polymorphism of Retrotransposons in *BosTaurus*. Vancouver.
- ✚ **Guo, SW., Thompson, EA. (1992).** Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles, *Biometrics*, 48, 361-372.
- ✚ **Gutierrez-Gil, B., Esteban-Blanco, C., Wiener, P., Chitneedi, P. K., Suarez-Vega, A., & Arranz, J. J. (2017).** High-resolution analysis of selection sweeps identified between fine-wool Merino and coarse-wool Churra sheep breeds. *Genetics Selection Evolution*, 49(1), 1-24. <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0354-x>
- ✚ **Hamadou, S., Kamuanga, M., Marichatou, H., Kanwe, A., Sidibe, A., et Paré, J. (2002).** Diagnostic des élevages périurbains de production laitière : Typologie des élevages de la périphérie de Bobo-Dioulasso. PROCORDEL, Études socioéconomiques, Document de travail N°1. Bobo-Dioulasso : CIRDES - ILRI - INERA - DRAA, 54 p.
- ✚ **Hamadou, S., Kiendrebeogo, T. (2004).** Production laitière à la périphérie de BoboDioulasso (Burkina Faso) et amélioration des revenus des petits producteurs, *RASPA* 2(3–4) :245-252.

- ✚ **Hamadou, S., Sangaré, I. M., Djouara, H., Sanogo, O. et Kamuanga, M. (2003).** Diagnostic des élevages périurbains de production laitière : Typologie des exploitations des périphéries de Sikasso et Koutiala dans les régions CMDT au Sud Mali. PROCORDEL, Études socioéconomiques, Document de travail N°2. BoboDioulasso, Burkina Faso ; CIRDES, Sikasso, Mali, IER, 56 p.
- ✚ **Hambli S and Tazarat H 2003.** Caractérisation d'une race ovine (race bleue) dans la wilaya de Bejaïa., MS., Thesis., University Abderrahmane Mira., Algeria., North Africa.,
- ✚ **Hanzen, C. (2009).** La maîtrise des cycles chez les petits ruminants, université de Liège (belgique), 2009.
- ✚ **Harel, S., Christiano, A. M. (2012).** Keratin 71 mutations: from water dogs to woolly hair. *J. Invest. Dermatol.* 132, 2315–2317. <https://doi.org/10.1038/jid.2012.291>
- ✚ **Harizi, T., & Abidi, F. (2015).** Characteristics of virgin and pulled wool fibres used in Tunisian handmade carpets. *International Journal of Scientific & Technology Research*, 4(10), 368-72.
- ✚ **Harizi, W., Chaki, S., Bourse, G., & Ourak, M. (2015).** Mechanical damage characterization of glass fiber-reinforced polymer laminates by ultrasonic maps. *Composites Part B: Engineering*, 70, 131-137.
- ✚ **Harkat S. Laoun A. Benali R. Outayeb D. Ferrouk M. Maftah A. Da Silva A. Lafri M 2015** Phenotypic characterization of the major sheep breed in Algeria., *Revue méd., Vét.*, 166., (5-6)., p 138-147
- ✚ **Harkat S. Laoun A. Benali R. Outayeb D. Ferrouk M. Maftah A. Da Silva A. Lafri M 2015** Phenotypic characterization of the major sheep breed in Algeria., *Revue méd., Vét.*, 166., (5-6)., p 138-147
- ✚ **Harkat, S. et Lafri M. (2007).** Effet des traitements hormonaux sur les variables de reproduction chez des brebis ouled-djellal. » *courrier du savoir*, 2007, 08, p125-13.
- ✚ **Harkat, S., Laoun, A., Benali, R., Outayeb, D., Ferrouk, M., Maftah, A., Da Silva, A. & Lafri, M., (2015).** phenotypic characterization of the major sheep breed in Algeria. *Revue méd. Vét.*, 166, (5-6), p 138-147
- ✚ **Harrison, RG. (1989).** Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolution biology, *Trends in Ecology and Evolution*, 4, 6-11.
- ✚ **Hartl, DL. (1988).** Génétique des populations. Médecine-Science Flammarion, Paris : p.305.



- ✚ **Henn, B. M., Gignoux, C. R., Jobin, M., Granka, J. M., Macpherson, J. M., Kidd, J. M., ... & Feldman, M. W. (2011).** Hunter-gatherer genomic density suggests a southern African origin for modern humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108(13), 5154-5162.
- ✚ **Henn, B. M., Gignoux, C., Lin, A. A., Oefner, P. J., Shen, P., Scozzari, R., ... & Underhill, P. A. (2008).** Y-chromosomal evidence of a pastoralist migration through Tanzania to southern Africa. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105(31), 10693-10698.
- ✚ **Hiendleder, S et al. (2002).** Analysis of wild and domestic sheep question current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies, *proc. r. Soc. Lond. B* (2002) 269, p. 893-904.
- ✚ **Higgs, E. S. (1967).** Environment and chronology—the evidence from mammalian fauna. *The Haua Fteah (Cyrenaica) and the Stone Age of the South-East Mediterranean*, 149-164.
- ✚ **Hill, EW., Bradley, DG., Al-Barody, M., Ertugol, O., Splan, R K., Zakharov, I., Cunningham, EP. (2002).** History and integrity of thoroughbred dam lines revealed in equine mtDNA variation, *Anim, Genet*, 33, 287–294.
- ✚ **Hoda A and Marsan PA 2012.** Genetic characterization of Albanian sheep breeds by microsatel-lite markers, analysis of genetic variation in animals., In: Caliskan M, editor., *Analysis of ge-netic variation in animals.*, Rijeka, Croatia: InTech; p., 3–26.
- ✚ **Hogeweg, P. (2011).** The roots of bioinformatics in theoretical biology. *PLoS computational biology*, 7(3), e1002021.
- ✚ **Holman, B. W. B., & Malau-Aduli, A. E. O. (2012).** A review of sheep wool quality traits. *Annual Review & Research in Biology*, 2(1), 1-14.
- ✚ <http://dagris.ilri.cgiar.org/regions/64/breeds?order=title&sort=asc&page=2>
- ✚ [http://www.svtbelrose.info/local/cachevignettes/L640xH544/caryotype\\_brebis\\_complet-7a435.jpg?1477067497](http://www.svtbelrose.info/local/cachevignettes/L640xH544/caryotype_brebis_complet-7a435.jpg?1477067497)
- ✚ **Iniguez, L. (2006).** *Characterization of Small Breeds in West Asia and North Africa*, vols. 1 and 2. ICARDA.
- ✚ **ITLEV. (2001).** Institut technique des élevages. Algérie. 10p.
- ✚ James I. J., Osinowo O. A., and Adegbaso O. I., 2009. EVALUATION OF UDDER TRAITS OF WEST AFRICAN DWARF (WAD) GOATS AND SHEEP IN OGUN STATE, NIGERIA. *Journal of Agricultural Science and Environment*, 2009, vol 9, p75-87.



- ✚ Jeffreys, A.J., Brookfield, J.F., & Semeonoff, R. (1985). Positive identification of an immigration test-case using human DNA fingerprints. *Nature*, 317(6040), 818-819.
- ✚ **Jeffreys, A.J., Wilson, V., Thein, S.L. (1985).** Hypervariable „minisatellite” regions in human DNA.
- ✚ **Joly, D. (2005).** Analyse de la diversité génomique des populations de *Cronartium ribicola*, agent responsable de la rouille vésiculeuse du pin blanc, Mémoire présenté pour l’obtention du grade de maître des sciences, Faculté des études supérieures, Université Laval.
- ✚ **Jombart, T. (2008).** adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24:1403–1405. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn129>.
- ✚ **Jores d’arces P. (1947).** L’élevage en Algérie, amélioration et développement, éditions guianchain, Alger, 93p.
- ✚ **Kahouadji Z. (2016).** Thèse de doctorat. Caractérisation génétique animal et identification des régions associées aux phénotypes.
- ✚ **Kalinowski, S.T., 2005.** HP-Rare: A computer program for performing rarefaction on measures of allelic density. *Mol. Ecol. Notes* 5, 187–189.
- ✚ **Kalinowski, S.T., Taper, M.L., Marshall, T.C. (2007).** Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment, *Molecular Ecology* 16:1099-1106.
- ✚ Kandoussi Asmae, Boujenane Ismaïl, Auger Clément, Serranito Bruno, Germot Agnès, Piro Mohammed, Maftah Abderrahman, Badaoui Bouabid and Petit Daniel., 2020. The origin of sheep settlement in Western Mediterranean. *Scientific Reports* (2020) 10:10225 | <https://doi.org/10.1038/s41598-020-67246-5>
- ✚ **Kanoun, M., Ibrahimi, M., Kanoun-Meguellati, A., Boulegroune, A., Benidir, M. (2008).** Savoir faire et termes locaux chez les communautés pastorales dans la région de Djelfa, *Idition INRAA*, p119.
- ✚ **Karp, A., Seberg, O., Buiatti, M. (1996).** Molecular Techniques in the Assessment of Botanical Diversity, *Annals of Botany*, 78, 143-149.
- ✚ Kateb, K. , & Ouadah-Bedidi, Z. (2001). L’actualité démographique du Maghreb. *Actes de la DESCO Université d’été*.
- ✚ **Kavar, T., Brem, G., Habe, F., Sölkner, J., Dovic P. (2002).** History of Lipizzan horse maternal lines as revealed by mtDNA analysis, *Genet, Sel, Evol*, 34, 635–648, In Aberle et al 2007.

- ✚ **Kdidi S, Calvo JH, Gonzalez-Calvo L, Ben-Sassi M, Khorchani T, Yahyaoui MH, 2015.** Genetic relationship and admixture in four Tunisian sheep breeds revealed by microsatellite markers. *Small Rumin Res.* 131:64–69.
- ✚ **Kdidi S. Calvo JH. Gonzalez-Calvo L. Ben-Sassi M. Khorchani T. Yahyaoui MH 2015** Genetic relationship and admixture in four Tunisian sheep breeds revealed by microsat-ellite markers., *Small Rumin Res.*, 131:64–69.
- ✚ **Kdidi, S., Calvo, J.H., González-Calvo, L., Ben-Sassi, M., Khorchani T., Yahyaoui, M. H. (2015).** Genetic relationship and admixture in four Tunisian sheep breeds revealed by microsatellite markers. *Small Ruminant Research.* 131:64-69. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2015.08.012>
- ✚ **Kefena E. dessie T. hanj L. kurtum Y. rosenbom S. Beja-pereira A 2012** Morphological densities and ecozones of ethiopian horse populations. *Animal genetic resources.*, 50. p 1–12.
- ✚ **Khaldi .Z., Haddad .B., Souid. H., Rouissi. A., Ben Gara. A., Rekik. B.2011.** Caractérisation phénotypique de la population ovine du Sud Ouest de la Tunisie. *Animal Genetics Ressources*, 49,1-8.
- ✚ **Khaldi, G. (1989).** Barbarine sheep. In: *Small ruminant in the Near East*, vol. III, North Africa FAO, Anim. Prod. Health 74, 96-135. doi: 10.1051/animres:2004012
- ✚ **Khelifi, y. (1999).** Les productions ovines et caprines dans les zones steppiques algériennes. In: rubino r. (ed.), morand-fehr p. (ed.). *Systems of sheep and goat production: organization of husbandry and role of extension services.options méditerranéennes : série a. Séminaires méditerranéens; n. 38. P, 245-247.*
- ✚ **Khelifi, Y. (1999).** Les productions ovines et caprines dans les zones steppiques algériennes, In : Rubino R, (ed.), Morand-Fehr P, (ed.), *Systems of sheep and goat production: Organization of husbandry and role of extension services, Options Méditerranéennes: Série A, Séminaires Méditerranéens ; n, 38, P, 245-247.*
- ✚ **Khiati, B. (2013).** Etude de performances reproductives de la brebis de race Rembi. Thèse de Doctorat en Biologie : Université d’Oran Essania (Oran, Algérie). 158 p. <https://theses.un-oran1.dz/document/13201348t.pdf>
- ✚ **Klein, R. G., & Scott, K. (1986).** Re-analysis of faunal assemblages from the Haua Fteah and other Late Quaternary archaeological sites in Cyrenaican Libya. *Journal of Archaeological Science*, 13(6), 515-542.

- ✚ **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.
- ✚ **Kolb E. (1975).** *Physiologie des animaux domestiques ; edition vigort et frères.*, Paris, 1975.
- ✚ **Lafri, M, Ferrouk, M, Harkat, S, Routel, A, Medkour, M, et Da silva, A., (2011).** Caractérisation génétique des races ovines algériennes. *options méditerranéenne*, a., 108, p 293-298.
- ✚ **Lafri, M., Ferrouk, M., Harkat, S., Routel, A., Medkour, M., et Dasilva, A. (2011).** Caractérisation génétique des races ovines algériennes. *options méditerranéenne*, a., 108, p 293-298.
- ✚ **Lagziel, A., DeNise, S., Hanotte, O., Dhara, S., Glazko, V., Broadhead, A., Davoli, R., Russo, V., Soller, M. (2000).** Geographic and breed distribution of an Msp I PCR-RFLP in bovine growth, *Animal Genetics*, 31: 210–213.
- ✚ **Lahlou-kassi, A., Berger, ym., Bradford, G.E., Boukhliq, R., tibary, A., Derqaoui, I. & Boujenane, I. (1989).** Performance of d'man and srandi breeds of sheep in purebred and crossbred matings on an accelerated lambing schedule. I. Fertility, litter size, post-partum anoestrus and puberty. *Small ruminant research.*, 2 (3), p 225–239.
- ✚ **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.
- ✚ **Lallemand, M. (2002).** Etude ostéométrique des têtes osseuses de mouton (ovis aries, l), thèse. Med. Vet. Nantes.
- ✚ **Langella, O. 1999.** Populations, 1.2.32. Available via <http://bioinformatics.org/~tryphon/populations/>.
- ✚ **Laoun A, Harkat S, Benali R, Yabrir B, Hakem A, Ranebi D, Maftah A, Madani T, Da Silva A and Lafri M. 2015.** Caractérisation phénotypique de la race ovine Rembi d'Algérie. *Productions animale et produits animaux. Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux* 68(1):19–26.
- ✚ **Laoun, A. (2007).** Magistère des sciences vétérinaires : Étude morpho- biométrique d'un échantillonnage d'une population ovine de la région de Djelfa, Option : Zootechnie, Algérie, p 115.

- ✚ **Lauvergne, J.J. (1988).** Populations traditionnelles et premières races standardisées d'ovicaprinæ dans le bassin méditerranéen, colloque gontard/manosque (france), 30 juin – 02 juillet 1986, coll. Inra n° 47, paris, 298p.
- ✚ **Lee, MA., Keane, OM., Glass, BC., Manley, TR., Cullen, NG., Dodds, KG., McCulloch, AF., Morris, CA., Schreiber, M., Warren, J., Zadissa, A., Wilson, T., McEWAN, JC. (2006).** Establishment of a pipeline to analyze non-synonymous SNPs in Bos Taurus, BMC, Genomics 7, 298.
- ✚ **Leroy, G. (2008).** Genetic density and breed management in dogs, Ph,D Thesis, AgroParisTech, p:210.
- ✚ **Leroy, G. (2008).** Genetic density and breed management in dogs, Ph,D Thesis, AgroParisTech, p:210.
- ✚ **Levinson, G., Gutman, GA. (1987).** Molecular Biology and Evolution, 4(3), 203-221.
- ✚ **Li, S. W., Ouyang, H. S., Rogers, G. E., Bawden, C. S. (2009).** Characterization of the structural and molecular defects in fibres and follicles of the Merino felting lustre mutant. Experimental Dermatology. 18, 134–142. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0625.2008.00774.x>
- ✚ **Li, S., Chen, W., Zheng, X., Liu, Z., Yang, G., Hu, X., & Mou, C. (2020).** Comparative investigation of coarse and fine wool sheep skin indicates the early regulators for skin and wool density. Gene, 758, 144968. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2020.144968>
- ✚ **Li, W., Gong, H., Zhou, H., Wang, J., Li, S., Liu, X., & Hickford, J. G. (2019).** Variation in KRTAP6-1 affects wool fibre diameter in New Zealand Romney ewes. Archives animal breeding, 62(2), 509-515. <https://doi.org/10.5194/aab-62-509-2019>
- ✚ **Liang, D., Zhao, P., S. i. J., Fang, L., Pairo-Castineira, E., Hu, X., & Zhang, Y. (2021).** Genomic analysis revealed a convergent evolution of LINE-1 in coat color : A case study in water buffaloes (Bubalus bubalis). Molecular biology and evolution, 38(3), 1122-1136. <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa279>
- ✚ **Litt, M., & Luty, J.A. (1989).** A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. American journal of human genetics, 44(3), 397.

- ✚ **Loukovitis D, Siasiou A, Mitsopoulos I, Lymberopoulos AG, Laga V, Chatzipli D, 2016.** Genetic density of Greek sheep breeds and transhumant populations utilizing microsatellite markers. *Small RuminRes.* 136:238–242.
- ✚ **M’hamed. (1982). cite par tabouche, 1985.** Situation actuelle et méthodes d’intensification de l’élevage ovin en algérie. »mémoire de docteur vétérinaire, isv, constantine, 1985.
- ✚ **MacDonald, K. C., & MacDonald, R. H. (2000).** The origins and development of domesticated animals in arid West Africa. UCL Press.
- ✚ **Madani, T., yakhlef, H. & abbache, N., (2003).** les races bovines, ovines, caprines et camelines. In: abdelguerfi a. (ed) et sa. Ramdane. Evaluation des besoins en matière de renforcement des capacités nécessaires à la conservation et l’utilisation durable de la biodiversité importante pour l’agriculture en Algérie, alger.
- ✚ **MADR/DSASI 2018.** Statistiques agrices Les Série B. Ministère de l’Agriculture et du Développement rural / Direction des statistiques agrices Les et des systèmes d’information, Alger, Algérie.
- ✚ **MADRP. (2007).** Ministère de l’agriculture, du développement rural et de la pêche (2016).
- ✚ **Magneville D. (1959).** Observation sur le mouton algérien, ses qualités et ses défauts, revue élevages et cultures, n° 126, septembre, Paris, p.12-17.
- ✚ **Mahami F.Z. (2015).** Caractérisation phénotypique et moléculaire des populations de poules locales (*Gallus gallus domesticus*) de l’Ouest Algérien.
- ✚ **Maiika T. (2006).** origin and maintenance of genetic density in northern
- ✚ **Mantel, N. (1967).** The detection of disease clustering and generalized regression approach. *Cancer Res.* 27 : 209-220.
- ✚ **Manwell, C., & Baker, C.A. (1980).** Chemical classification of cattle. 2. Phylogenetic tree and specific status of the Zebu. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics*, 11(2), 151-162.
- ✚ **Marmet, R. (1970).** La connaissance du bétail, Tome 1 : les bovins, Edition J. B. Baillière et Fils.
- ✚ **Marshall, F. (2000).** The origins and spread of domestic animals in East Africa. The origins and development of African livestock: Archaeology, genetics, linguistics and ethnography, 191-221.
- ✚ **Marshall, T.C., Slate, J., Kruuk, L., Pemberton, J.M., 1998.** Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Mol. Ecol.* 7, 639–655.

- ✚ **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](http://www.fieldgenetics.com) (Erişimtarihi: 02,07,2008).
- ✚ **Mavule Bafowethu, S., Sarti Francesca, M., Lasagna Emiliano, Kunene Nokuthula W. (2016).** Morphological differentiation amongst Zulu sheep populations in KwaZulu-Natal, South Africa, as revealed by multivariate analysis *Small Ruminant Research*, Volume 140, July 2016, Pages 50-56
- ✚ **Maxted, N. (2001).** Ex Situ, In Situ Conservation. In *Encyclopedia of Biodiversity* (pp. 683–695). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B0-12-226865-2/00115-2>
- ✚ **Mc Dermid E.M., Agar N.S., Chai C.K., 1975.** Electrophoretic variation of red cell enzyme systems in farm animals. *Anim. Blood Grps Biochem. Genet.*, 6, 127-174.
- ✚ **Mc Dermid, E.M., Agar, N.S. and Chai, C.K. (1975).** Electrophoretic variation of red cell enzyme systems in farm animals. *Anim blood groups biochem genet*, 6: 127-74.
- ✚ **Mc dermid, E.M., Agar, N.S. and Chai, C.K. (1975).** electrophoretic variation of red cell enzyme systems in farm animals. *Anim blood groups biochem Genet*, 6: 127-74.
- ✚ **McLaren, RJ, Rogers, GR, Davies, KP, Maddox, JF, Montgomery, GW. (1997).** Linkage mapping of wool keratin and keratin-associated protein genes in sheep, *Mamm Genome* 8:938–940.
- ✚ **Meka Z., Martin A., Tadakeng Y., Meutchieye F., Fonteh F., 2021.** Biometric Assessment of Blackbelly Sheep in Central Africa. *Broom. Biod. J*, 5(2): 139-153.
- ✚ **Melesse A and negesse T 2011.** Phenotypic and morphological characterization of indigenous chicken populations in southern region of ethiopia., *Animal genetic resources.*, 49., p 19–31.
- ✚ **Meyer, C., faye, B., karembe, H., poey, J.P., deletang, F., horel, P., benkirane, A., Berrada, J., mohammedi, D. et gharzouani, s. (2004).** Guide de l'élevage du mouton méditerranéen et tropical. *guide mouton. Ceva. Santé animale.*, 2004.
- ✚ **Miller M S, Christensen G V and Evans H E. 1964.** *Anatomy of Dog*. W. B. Saunders Co., Philadelphia. Nicks B, Delfontaine B, Canart B, Vanderbruggen.
- ✚ **Miller SA. Dykes DD. PeLesky HF 1988** A simple salting out procedure for extracting-DNA from human nucleated cells., *Nucleic Acids Res* 16., 1215.
- ✚ **Miller, SA., Dykes, DD., Polesky, H.F. (1988).** A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells, *Nucleic Acids Res* 16, 1215.

- ✚ Mirkena, T., Duguma, G., Willam, A., Wurzinger, M., Haile, A., Rischkowsky, B., Okeyo, A. M., Tibbo, M., & Solkner, J. (2012). Community-based alternate breeding plans for indigenous sheep breeds in four agro-ecological zones of Ethiopia: Community-based sheep breeding programmes. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 129(3), 244–253. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2011.00970.x>
- ✚ **Moazami-Goudarzi, K. (1994).** Caractérisation de plusieurs races bovines françaises à l'aide de marqueurs polymorphes. Thèse doctorat. Université paris xi orsay.
- ✚ **Moazami-goudarzy, K. (1994).** caractérisation de plusieurs races bovines françaises à l'aide de marqueurs polymorphes. Thèse doctorat. Université paris xi orsay.
- ✚ Molla, M. (2020). Conservation-based breeding program for indigenous sheep breeds in Ethiopia: The way forward. *Journal of World's Poultry Research*, 10(1), 17–24. <https://doi.org/10.36380/scil.2020.ojafir3>
- ✚ **Molotsi, A., Dube, B., Oosting, S., Marandure, T., Mapiye, C., Cloete, S., & Dzama, K. (2017).** Genetic Traits of Relevance to Sustainability of Smallholder Sheep Farming Systems in South Africa. *Sustainability*, 9(8), 1225. <https://doi.org/10.3390/su9081225>
- ✚ **Molotsi, A.H., Dube, B., & Cloete, S.W.P. (2019).** The Current Status of Indigenous Ovine Genetic Resources in Southern Africa and Future Sustainable Utilization to Improve Lelihoods. *Dersity*, 12(1), 14. <https://doi.org/10.3390/d12010014>
- ✚ **Montaldo, HH., Meza-Herrera, CA. (1998).** Use of molecular markers and major genes in the genetic improvement lestock, *Electronic journal of Biotechnology*, 1, 1 – 7.
- ✚ **Montgomery, GW., Henry, HM., Dodds, KG., Beattie, AE., Wuliji, T., Crawford, AM. (1996).** Mapping the Horns (Ho) locus in sheep: a further locus controlling horn development in domestic animals, *J Hered*; 87:358–363.
- ✚ **Moula, N. 2018.** Caractérisation de la race ovine algérienne Tazegzawth. *Tropicultura*. 36.,1.,43-53
- ✚ **Moulla, F., El Bouyahiaoui, R. (2015).** Populations ovines locales algériennes de la kabylie : Ressources génétiques animale méconnues et en danger d'extinction. In *Workshop National: Valorisation des «races» locales ovines et caprines à faibles effectifs « Un réservoir de diversité génétique pour le développement local »*.,02-03 Mars 2015., INRAA., Alger.
- ✚ **Muigai, A. W., & Hanotte, O. (2013).** The origin of African sheep: archaeological and genetic perspectives. *African Archaeological Review*, 30, 39-50.



- ✚ **Muigai, A.W.T., Okeyo, A.M., Kwallah, A.K., Mburu, D. and Hanotte, O. (2009).** Characterization of sheep populations of Kenya using microsatellite markers: Implications for conservation and management of indigenous sheep populations. South African Journal of Animal Science 2009, 39 (Supplement 1). ©South Africa Sudn Society for Animal Science Peer-reviewed paper: 10th World Conference on Animal Production.
- ✚ **Muzzolini, A. (2000).** Lestock in Saharan rock art. *The origins and development of African lestock: Archaeology, genetics, linguistics and ethnography*, 87-110.
- ✚ **Mwacharo, J., Otieno, C., Okeyo, A. et al.(2002).** Characterization of Indigenous Fat-tailed and Fat-rumped Hair Sheep in Kenya: Dersity in Blood Proteins. Tropical Animal Health and Production 34, 515–524 (2002). <https://doi.org/10.1023/A:1021231204414>
- ✚ **Mwenya W.N.M (1992)** Sheep production on Zambia: a review of sheep breeding. In: Small Ruminant Research and Development in Africa: Proceedings of the Second Biennial Conference of the African Small Ruminant Research Network : AICC, Arusha, Tanzania, 7-11 December
- ✚ **Naidoo, P., Cloete, S. W. P., Olier, J. (2004).** Heritability estimates and correlations between subjectely assessed and objectely measured fleece traits in Merino sheep. Afrique du Sudn J Animal Sci. 34(6):13–4.
- ✚ **Nedjraoui, D. (2001).** Profil fourrager, Algérie.
- ✚ **Negrini, R., Milanesi, E., Bozzi, R., Pellecchia, M., Ajmone-Marsan, P. (2006).** Tuscany autochthonous cattle breeds: an original genetic resource investigated by AFLP markers. J. Anim. Breed. Genet. 123, 10–16.
- ✚ **Nei, M. (1972).** Genetic distance between populations, Am Nat, 106: 283–292.
- ✚ **Nei, M. (1973).** Analysis of Gene Dersity in Subdided 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 Unersity Press, New York, USA 70: 3321-3323.
- ✚ **Nei, M., Roychoudhury, AK. (1974).** Sampling Variances of Heterozygosity and Genetic Distance. Genetics, 76(2), 379–390.



- ✚ **Neuwirth E., Neuwirth M.E., 2014.** Package ‘RColourBrewer’. Colour Brewer Palettes.
- ✚ **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.
- ✚ **Njuki, J., & Mburu, S. (2013).** Gender and ownership of livestock assets. In *Women, livestock ownership and markets* (pp. 41-58). Routledge.
- ✚ **Ocampo R. Cardona H. Martínez R 2016** Genetic diversity of Colombian sheep by microsatellite markers., *Chilean J., Agric., Res., vol.,76 no.,1* <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-58392016000100006>
- ✚ **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 animale », 247-252.*
- ✚ **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 animale », 247-252.*
- ✚ **ONAGRI, (2017).** Annuaire de production animale. <http://www.onagri.tn/statistiques> (Accessed June 12, 2021)
- ✚ **Osamede, O.H., & Adebawale, S.E. (2018).** Genetic structure of indigenous sheep breeds in Nigeria based on electrophoretic polymorphous systems of transferrin and haemoglobin. *African Journal of Biotechnology, 17(12), 380-388.*
- ✚ **Othman OEM, Payet-Duprat N, Harkat S, Laoun A, Maftah A, Lafri M, Da Silva A, 2016.** Sheep diversity of five Egyptian breeds: genetic proximity revealed between desert breeds: local sheep breeds diversity in Egypt. *Small Rumin Res.* 144:346–352.
- ✚ **Othman, OEM., Payet-Duprat, N., Harkat, S., Laoun, A., Maftah, A., Lafri, M., Da Silva A. (2016).** Sheep diversity of five Egyptian breeds: genetic proximity revealed between desert breeds: local sheep breeds diversity in Egypt. *Small Rumin Res.* 144:346–352.
- ✚ **OUANES I., ABDENNOUR C., AOUAIDJIA, A. (2011).** Effect of cold winter on blood biochemistry of domestic sheep fed natural pasture. *Scholars Research Library*

Annals of Biological Research, 2011, 2(2):306-313  
(<http://scholarsresearchlibrary.com/arche.html>).

- ✚ **Ouattara, I. (2001).** Rapport clinique sur : gestion de la reproduction dans un élevage ovin, institut agronomique & veterinaire hassan ii. Département de reproduction et d'obstétrique vétérinaire, avril 2001.
- ✚ **P.O. Wafula, A, H., Jianlin, A, N., Sangare, B, J.M., Sowe, C, R., Coly D, B., Diallo E., Hanotte, O. (2005).** Genetic characterization of West African Djallonke sheep using microsatellite markers. The role of biotechnology villa gualino, turin, italy – 5-7 march, 2005.
- ✚ **Pablo M. Landi V. Martínez A. Lara C. Delgado JV 2013** Caracterización genética de la oveja lojeña mediante marcadores microsatélites., Actas Iberoamericanas de Conservación.
- ✚ **Page, R.D., 1996.** Tree view: an application to display phylogenetics trees on personal computers. *Comput. Appl. Biosci.* 12, 357–358.
- ✚ **Paradis E., Claude J., Strimmer K., 2004.** APE: analyses of phylogenetics and evolution in R language. *Bioinformatics*, 20:289–290.  
<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg412>
- ✚ **Peakall R and Smouse PE 2006.** GENALEX 6: Genetic Analysis in Excel., Population genetic software for teaching and research., *MolEcol Notes.*, 6: 288–295.
- ✚ **Peakall R and Smouse PE 2012.** GenAIEx 6.,5: genetic analysis in Excel., Population genetic software for teaching and research – an update., *Bioinformatics* 28: 2537-2539.
- ✚ **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.
- ✚ **Peakall, R., Smouse, PE. 2006.** GENALEX 6: Genetic Analysis in Excel, Population genetic software for teaching and research, *MolEcol Notes*, 6: 288–295.
- ✚ **Pereira, F., Davis, S. J., Pereira, L., McEvoy, B., Bradley, D. G., & Amorim, A. (2006).** Genetic signatures of a Mediterranean influence in Iberian Peninsula sheep husbandry. *Molecular Biology and Evolution*, 23(7), 1420-1426.
- ✚ **Peters, J. (1986).** A revision of the faunal remains from two Central Soudanese sites. *Archaeozoologia*, 11-33.
- ✚ **Peters, j. (1997).** Der hund in der antike aus archäozoologischer sicht. *Anthropozoologica*, , 25- 26, p511-523.

- ✚ **Peters, J., Helmer, D., von den Driesch, A., Segui S. (1999).** Animal husbandry in the northern Levant, *Paléorient*, 25: 27–48.
- ✚ **Petit R.J. El Mousadik A. Pons O 1998** Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers, *Conservation Biology*, 12:844-855.
- ✚ **Piry, S., Alapetite, A., Cornuet, JM., Paetkau, D., Baudouin, L., Estoup, A. (2004).** GENECLASS2: a software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity* 95, 536-539.
- ✚ **Pitel, F., Riquet, J. (2000).** Les marqueurs anonymes et la détection de leur polymorphisme, *Productions Animale*, HS 2000, 45-53.
- ✚ **Portes, J.V., Somavilla, A.L., Grion, A.L., Dias, L.T., & Teixeira, R.A. (2018).** Short communication: Genetic parameters for post-weaning visual scores and reproductive traits in Suffolk sheep. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 16(1), e04SC01. <https://doi.org/10.5424/sjar/2018161-11612>
- ✚ **Powell, B. C., Rogers, G. E. (1997).** The role of keratin proteins and their genes in the growth, structure and properties of hair. *EXS* 78, 59–148. doi:[10.1007/978-3-0348-9223-0\\_3](https://doi.org/10.1007/978-3-0348-9223-0_3)
- ✚ **Pritchard, J. K., Stephens, M., Donnelly, P. (2000).** Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945–959. doi: 10.1534/genetics.116.195164. *Production Sciences* **51**: 635–41.
- ✚ **Pritchard, JK., Stephens, M., Donnelly, P. (2000).** Inference of population structure using multilocus genotype data, *Genetics*, 155: 945–959.
- ✚ **Purvis, I. W., Franklin, I. R. (2005).** Major genes and QTL influencing wool production and quality: a review. *Genetics Selection Evolution*, 37(1), 1-11. doi: 10.1051/gse:2004028
- ✚ **Quirke, J.F. (1979).** Effect of body weight on the attainment of puberty and reproductive performance of galway and fingalway. *Animal production*, 28:297 à 307.
- ✚ **Rannala, B., Mountain, JL. (1997).** Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 94, 9197-9201.
- ✚ **Rao, KB., Bha,t KV., Totey, SM. (1996).** Detection of species – specific genetic markers infarm animal thought random amplified polymorphic DNA (RAPD), *Genetic anal*, 13 (5), 135 – 138.
- ✚ **Raymond, M., Rousset F. (1995).** GENEPOP (Version 1,2): Population Genetics software for exact tests and ecumenism, *Journal of Heredity* 86, 248-249.

- ✚ **Raymond, M., Rousset, F. 1995.** GENEPOP (Version 1,2): Population Genetics software for exact tests and ecumenism, *Journal of Heredity* 86, 248-249.
- ✚ **Reynolds, J., Weir, B. et Cockerham, C. (1983).** Estimation for the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105, 767-779.
- ✚ **Reynolds, J., Weir, B. S., Cockerham, C. C. (1983).** Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105, 767-779. <https://doi.org/10.1093/genetics/105.3.767>
- ✚ **Ricordeau, G. (1992).** Synthèse des estimations de la variabilité génétique et des liaisons entre caractères dans les différentes espèces. *Inra prod anim., hors série «éléments de génétique quantitative et application aux populations animale»* : 80- 86.
- ✚ **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.
- ✚ **Robertson et Asker (1951).**the expansion of a breed of dairy cattle. *Empire j. Exp. Agric.*19. 191-201.
- ✚ **Robertson, Asker. (1951).**The expansion of a breed of dairy cattle. *Empire j. Exp. Agric.*19. 191-201.
- ✚ **Rognon, X., Verrier, E. (2007).** Caractérisation et gestion des ressources génétiques, Les outils et méthodes de la génétique pour la caractérisation, le sui et la gestion de la variabilité génétique des populations animale, UMR INRA/AgroParisTech « Génétique et Diversité Ani-Mâles », Rabat, 12-15 mars 2007.
- ✚ **Rondia, P. (2006).** Aperçu de l'élevage ovin en afrique du nord. »filière ovine et caprine, 2006, 18, p11-14.
- ✚ **Roubet, C., & Carter, P. L. (1984).** *La domestication au Maghreb: état de la question.* na.
- ✚ **Rout, PK., Saxenav, K., khan, BU., Roy, R., Mandal, A., Singhs, K., Singhl, B. (2000).** Characterisation of jamunapari goats in their home tract., *Animal genetic resources informa-tion.*, 27., p 43-52.
- ✚ **Ryder. (1984).** carte illustre uniquement le modèle de diffusion progresse du mouton à partir de l'asie.
- ✚ **Sadr, K. (2015).** Lestock first reached southern Africa in two separate events. *PloS one*, 10(8), e0134215.
- ✚ **Sagne J. (1950).** L'Algérie pastorale. Ses origines, sa formation, son passé, son présent, son avenir. Imprimerie fontana, p 27.

- ✚ **Saidi, M. et al.(2009).** Etude prospective du parasitisme interne des ovins dans une région steppique : cas de la région d'ain d'hab, algérie. »ann. Méd. Vét, 2009, 153, p224-230.
- ✚ **Saïdi-mehtar, N. (1983).** Etude de la carte génétique des ovins (ovisaries) par les techniques d'hybridation cellulaire et d'hybridation moléculaire dna-cdna. Thèse de doctorat. Université pierre et marie curie, paris 6.
- ✚ **Saitou, N., Nei, M. (1987).** The Neighbor-Joining Method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4, 406-425.
- ✚ **Salamon D. Gutierrez-Gil B. Kostelic A. Gorjanc G. Kompan D. Dzidic A 2012** Pre-liminary study on the genetic dersity of the Istrian sheep, Lika and Krk pramenka sheep po-pulations using microsatellite markers, *Acta Agricultura e Slovenica Suppl.*, 3, 125-129.
- ✚ Saleh, A.A., Hammoud, M.H., Dabour, N.A. et al. BMPR-1B, BMP-15 and GDF-9 genes structure and their relationship with litter size in six sheep breeds reared in Egypt. *BMC Res Notes* 13, 215 (2020). <https://doi.org/10.1186/s13104-020-05047-9>
- ✚ **Sanson, M. (1973).** Les ovins dans l'antiquité d'après les vestiges Phéniciens et Romains en Tunisie et en Algérie. *Doc. Tech. Inrat.*, p 65.
- ✚ **Santos-Silva, F., o, RS., Sousa, MCO., Carolino, MI., Ginja, C., Gama, LT., (2008).** Assessing genetic dersity and differentiation in Portuguese coarse-wool sheep breeds with microsatellite markers. *Small Rumin Res.* 78:32–40.
- ✚ **Sargent, J. (2012).** Genetic Variation in Blood Proteins Within and Differentiation Between 19 Sheep Breeds from Southern Africa. University of Johannesburg (South Africa). ProQuest Dissertations Publishing, 2012. 28372251.
- ✚ **Schoeman, S.J.; Cloete, S.W.P.; Olier, J.J.(2010).** Returns on investment in sheep and goat breeding in Afrique du Sud. *Lest. Sci.* 2010, 130, 70–82. [Google Scholar] [CrossRef]
- ✚ **Séré, C. (1994).** Classification and characterization of world lestock production systems. Study document for Interactions between lestock production systems and the environment, Rome, FAO.
- ✚ **She, JX., 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.
- ✚ **Shi, X., Wu, J., Lang, X., Wang, C., Bai, Y., Riley, D. G., & Ma, X. (2021).** Compare transcriptome and histological analyses provide insights into the skin

pigmentation in Minxian black fur sheep (*Ovis aries*). Peer J, 9, e11122.  
<https://doi.org/10.7717/peerj.11122>

- ✚ **Skapetas B and Kalaitzidou M 2017:** Current status and perspectives of sheep sector in the world. *Lestock Research for Rural Development. Volume 29, Article #21*. Retrieved November 1, 2021, from <http://www.lrrd.org/lrrd29/2/skap29021.html>
- ✚ **Skapetas, B., & Kalaitzidou, M. (2013).** Current status and perspectives of sheep sector in the world. *Change*, 2000(2013).
- ✚ **Snoussi S. (2003).** Situation de l'élevage ovin en tunisie et rôle de la recherche. Réflexions sur le développement d'une approche système. *Cahiers d'études et de recherches francophones/agriculture.*, 12, p 419–428.
- ✚ **Société impériale zoologique d'acclimatation. (1859).** Bulletin mensuel de la société impériale zoologique d'acclimatation, volume 6. La bibliothèque de l'état de bavière. Paris., p 620.
- ✚ **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.
- ✚ **Solomon, A., Workalemahu, A., Jobbar, M. A., Ahmed, M. M., & Hurissa, B. (2003).** Lestock market in Ethiopia. Areview structure, performance and development initiates. Socio –economic and policy Research working paper
- ✚ **Solomon, G., Komen, H., Hanote, O., Van Arendonk, J. A. M., Kemp, S., Aynalem, H., Mwai, O., & Tadelle, D. (2011).** Characterization and conservation of indigenous sheep genetic resources: A practical framework for developing countries. ILRI Research Report No. 27. Nairobi, Kenya, ILRI.
- ✚ **Sponenberg, DP. (1997).** Genetics of colour and hair texture. *The Genetics of Sheep*, Oxon, UK: CAB International, pp 51–86, 7 Cockett NE, Jackson SP, Shay TL.
- ✚ **Stow, G. W. (1905).** *The Nate Races of Afrique du Sud: A History of the Intrusion of the Hottentots and Bantu Into the Hunting Grounds of the Bushmen, the Aborigines of the Country...* S. Sonnenschein & Company, limited.
- ✚ **Stratil, A. (1973).** Two new sheep transferrin variants and the effect of neuraminidase. *Animal blood groups and biochemical genetics*, 4(3), 153-159.
- ✚ **Talebi, R., Ahmadi, A., Afraz, F., Sarry, J., Woloszyn, F., Fabre, S. (2018).** Detection of single nucleotide polymorphisms at major prolificacy genes in the Mehraban sheep and association with litter size. *Annals of Animal Science*, 18 (3), pp.685-698. 10.2478/aoas-2018-0014ff. doi:<https://doi.org/10.2478/aoas-2018-0014>

- ✚ **Tan, P, Allen, JG, Wilton, SD, Akkari, PA, Huxtable, CR, Laing, NG. (1997).** A splice-site mutation causing ovine McArdle's disease, *Neuromuscul Disord*; 7:336–342.
- ✚ **Tapio, M., Marzanov, N., Ozerov, M., Cinkulov, M., Gonzarenko, G., Kiselyova, T., Murawski, M., Viinalass, H., Kantanen, J. (2006).** Sheep mitochondrial DNA in European Caucasian and central Asian areas, *Molecular Biology and Evolution*, 23(9): 1776–1783.
- ✚ **Toro, M., Lero A. (2004).** charecterisation and concervation of genetic dersity between breeds. 55 the Annual Meeting of the European Association of Animal Production, Bled, Slovenia, 5-8 September 2004.
- ✚ **Trigo, B. B., Utsunomiya, A. T., Fortunato, A. A., Milanesi, M., Torrecilha, R. B., Lamb, H., & Utsunomiya, Y. T. (2021).** Variants at the ASIP locus contribute to coat color darkening in Nellore cattle. *Genetics Selection Evolution*, 53(1), 1-12. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00633-2>
- ✚ **Trommelen, GJ., Den Daas, JH., Vijg, J., Uitterlinden, AG. (1993).** DNA profiling of cattle using microsatellite and minisatellite, *Animal Genetics*, 24 (4), 235 – 241.
- ✚ **Trouette G. (1933).** La sélection ovine dans le troupeau indigène. Direction des services de l'élevage. Imprimerie p. Guiauchin: Alger.
- ✚ **Trouette, M. (1929).** Les «races» d'Algérie. Congrès du mouton, Paris 9, 10,11 Dec 1929. 299-302.
- ✚ **Turries, V. (1976).** Les populations ovines algériennes, chaire de zootechnie et de pastoralisme, ina, Alger., p 16.
- ✚ **Vaissaire, J.P. (1977).** Sexualité et reproduction des mammifères domestiques et du laboratoire. Edition maloine s.a. paris. 1977.
- ✚ **Valdez, R, Queue fine, CF, Bunch, TD. (1978).** Evolution of wild sheep in Iran. *Evolution* 32, 56– 72.
- ✚ **VALL E., SALGADO P., CORNIAUX C., BLANCHARD M., DUTILLY C., ALARY V., 2014.** Changements et innovations dans les systèmes d'élevage en Afrique. In : Numéro spécial, Quelles innovations pour quels systèmes d'élevage ? Ingrand S., Baumont R. (Eds). INRA Prod. Anim., 27, 161-174.
- ✚ **Van der Merwe, D.A., Brand, T.S., Theron, P.G., Hoffman, L.C., Jackson-Moss, C. A. (2021).** Sheepskin leather quality characteristics of Afrique du Sudn breeds. *Small Ruminant Research*, 199, 106365.



- ✚ **Van Marle-Köster, E., Visser, C., Makgahlela, M., Cloete, S.W.P. (2015).** Genomic technologies for food security: A review of challenges and opportunities in Southern Africa. *Food Res. Int.* 2015, 76, 971–979. [Google Scholar] [CrossRef]
- ✚ **Van Neer, W. (2000).** Domestic animals from archaeological sites in Central and West-Central Africa.
- ✚ **Vawter, L., Brown WM. (1986).** Nuclear and mitochondrial DNA comparison reveal externe rate in the molecular clock, *Science*, 234, 194-196.
- ✚ **Vermeersch, H., & Remon, J. P. (1994).** Immunogenicity of poly-D-lysine, a potential polymeric drug carrier. *Journal of controlled release*, 32(3), 225-229.
- ✚ **Vignal, A., Milan, D., SanCristobal, M., Eggen, A. (2002).** A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics, *Genetics Selection Evolution*, 34(3), 275-305.
- ✚ **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.
- ✚ **Wanjala, G., Bagi, Z., Kusza, S.(2021).** Meta-Analysis of Mitochondrial DNA Control Region Dersity to Shed Light on Phylogenetic Relationship and Demographic History of African Sheep (*Ovis aries*) Breeds. *Biology* 2021, 10, 762. <https://doi.org/10.3390/biology10080762>
- ✚ **Weber, J. L., & May, P. E. (1989).** Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *American journal of human genetics*, 44(3), 388.
- ✚ **Webster Barthelme, J. (1985).** Fisher-hunters and neolithic pastoralists in East Turkana, Kenya. BAR Publishing.
- ✚ **Wendorf, F., & Schild, R. (1998).** Nabta Playa and its role in northeastern African prehistory. *journal of anthropological archaeology*, 17(2), 97-123.
- ✚ **Williams, JGK., Kublik, AR., Lak, KJ., Rafalski, JA., Tingey, SV. (1990).** DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers, *Nucleic Acids research*, 18, 6531-6535. **Karp, A., Seberg, O., Buiatti, M. (1996).** Molecular Techniques in the Assessment of Botanical Dersity, *Annals of Botany*, 78, 143-149.
- ✚ **Wilson, E. O. (2000).** L'enjeu écologique n°1. *La recherche* 333 : 14-16.
- ✚ **Wilson, R. T. (1988).** Small ruminant production systems in tropical Africa. *Small Ruminant Research*, 1(4), 305-325.
- ✚ **Wilson, R. T. (1991).** Small ruminant production and the small ruminant genetic resource in tropical Africa (Vol. 88). Food & Agriculture Org..



- ✚ **Winrock International Institute for Agricultural Development. (1992).** Assessment of animal agriculture in sub-Saharan Africa. Winrock International Institute for Agricultural Development. WJAS IDFe 1427278602 Date: 2015-04-21 Volume: 7.
- ✚ **Wright, S. (1931).** Evolution in Mendelian populations, *Genetics*, 16:0097–0159.
- ✚ **Wright, S. (1968).** Evolution and the genetics of population, University of Chicago Press, Chicago.
- ✚ **Wright, S. (1969).** Evolution and the genetics of populations. University of Chicago press, Chicago, USA.
- ✚ **Wright, S. (1978).** Evolution and the Genetics of populations Variability within and Among Natural Population. University of Chicago.
- ✚ **Yakhlef, H., Ghozlane, F. (2004).** Important biodiversity for agriculture: case breeds of cattle, sheep, goats and camels. MATE-GEF/PNUD: project ALG/G13, December 2002.43p.
- ✚ **Yang, YH., Kim, KI., Cothran, EG., Flannery AR. (2002).** Genetic diversity of Cheju Horses (*Equus caballus*) determined by using mitochondrial DNA D-loop polymorphism, *Biochem, Genet*, 40, 175–186.
- ✚ **Yang, YH., Kim, KI., Cothran, EG., Flannery, AR. (2002).** Genetic diversity of Cheju Horses (*Equus caballus*) determined by using mitochondrial DNA D-loop polymorphism, *Biochem, Genet*, 40, 175–186.
- ✚ **Yaro, M., Munyard, KA., Morgan, E., Allcock, RJN., Stear, MJ., Groth DM. (2019).** Analysis of pooled genome sequences from Djallonke and Sahelian sheep of Ghana reveals co-localisation of regions of reduced heterozygosity with candidate genes for disease resistance and adaptation to a tropical environment. *BMC Genomics*. 2019;20(1):816. Published 2019 Nov 7. doi:10.1186/s12864-019-6198-8.
- ✚ **Yeh, FC., Yang, RC., Boyle, TBJ., Ye, ZH., Mao, JX. (1997).** POPGENE: The User-Friendly Shareware for Population Genetic Analysis, Edmonton, AB, Canada: University of Alberta; 1997.
- ✚ **Yilmaz O, Cemal I, Karaca O. 2014.** Genetic diversity in nine native Turkish sheep breeds based on microsatellite analysis. *Anim Genet*. 45:604–608.
- ✚ **Yu, Z., Gordan, S. W., Nixon, A. J., Bawden, C. S., Rogers, M. A., Wildermoth, J. E., Pearson, A. J. (2009).** Expression patterns of keratin intermediate filament and keratin associated protein genes in wool follicles. *Differ. Res. Biol. Ders*. 77, 307–316 (2009). <https://doi.org/10.1016/j.diff.2008.10.009>

- ✚ **Zahan, M., Miclea, V., Praica Miclea, I., Ilisiu, E. (2011).** Analysis of Genetic Variation within Tsigai population from Romania Using Microsatellite Markers., Bulletin UASVM Animal Science and Biotechnologies, 68(1-2), p396-400, [https://www.researchgate.net/publication/266463043\\_Analysis\\_of\\_Genetic\\_Variation\\_within\\_Tsigai\\_Population\\_from\\_Romania\\_Using\\_Microsatellite\\_Markers](https://www.researchgate.net/publication/266463043_Analysis_of_Genetic_Variation_within_Tsigai_Population_from_Romania_Using_Microsatellite_Markers)
- ✚ **Zamani, P. , & Mohammadi, H. (2008).** Comparison of different models for estimation of genetic parameters of early growth traits in the Mehraban sheep. Journal of Animal Breeding and Genetics, 125: 29-34. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00676.x>
- ✚ **Zamani, P., Akhondi, M., Mohammad Abadi, M. R., Saki, A. A., Ershadi, A., Banabazi, M. H., & Abdolmohammadi, A. R. (2011).** Genetic variation of Mehraban sheep using two intersimple sequence repeat (ISSR) markers. African Journal of Biotechnology, 10(10), 1812-1817.
- ✚ **Zeder, M. A. (2008).** Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: origins, diffusion, and impact. <https://doi.org/10.1073/pnas.0801317105>
- ✚ **Zhang, L., Sun, F., Jin, H., Dalrymple, B. P., Cao, Y., Wei, T., ... & Ingham, A. B. (2017).** comparison of transcriptomic patterns measured in the skin of Chinese fine and coarse wool sheep breeds. Scientific Reports. 7, 14301. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-14772-4>.
- ✚ **Zhao H., Guo T., Lu Z., Liu J., Zhu S., Quia G., ... Yang, B. (2021).** Genome-wide association studies detects candidate genes for wool traits by re-sequencing in Chinese fine-wool sheep. BMC Genomics 22, 127. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07399-3>

### **Référence électronique**

[http://www.svtbelrose.info/local/cachevignettes/L640xH544/caryotype\\_brebis\\_complet-7a435.jpg?1477067497](http://www.svtbelrose.info/local/cachevignettes/L640xH544/caryotype_brebis_complet-7a435.jpg?1477067497))



# *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...).



