



République Algérienne Démocratique et Populaire

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

جامعة أبو بكر بلقايد- تلمسان

Université Aboubekr Belkaid – Tlemcen

والكون كلية علوم الطبيعة والحياة، وعلوم الأرض

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

Filière science biologique

Département : Biologie



# Mémoire de fin d'études

En vue de l'obtention

Diplôme de MASTER

inscrit dans le cadre du décret ministériel n°1275, du projet innovant : LABEL

Spécialité : Génétique

Melle : BOUDHIR Hanaa Chahinaz

THEME

**Analyse Des Données Microsatellites Des Races Bovines**

Soutenu le : 17 Juillet 2024

Devant le jury :

<b>Président :</b>	AZZI Rachide	Prof	Université De Tlemcen
<b>Encadreur :</b>	MKEDDER Ikram	MRB	Rumes. Tlemcen
<b>Co-Encadreur :</b>	GAOUAR Semir Bechir Suheil	Prof	Université De Tlemcen
<b>Co-Encadreur</b>	BENHAMADI Mohammed	MCB	Université De Tlemcen
<b>Examineur :</b>	SELKA Sarra	MCB	Université De Tlemcen
<b>Cerntre I2E</b>	BENSENANE Bachir	MCA	Unisversité De Tlemcen
<b>Partenair Economique</b>	Cherif Mohammed		Centre De Formation Elssabil

Année Universitaire :2023/2024



## Remerciements :

En entamant ces lignes, je ressens une profonde gratitude envers Allah, le Tout-Puissant, pour m'avoir accordé la santé, la volonté, le courage et la patience nécessaires pour achever ma formation et réaliser ce travail de recherche.

Je souhaite exprimer ma sincère reconnaissance au Professeur Monsieur **GAOUAR Semir Bechir Suheil**. C'est un immense honneur d'avoir été sous votre présidence lors de cette soutenance. Vos connaissances, votre expertise, vos conseils précieux et votre suivi attentif ont été d'une valeur inestimable tout au long de mon parcours académique. Votre sens du devoir, votre disponibilité et votre rigueur scientifique m'impressionnent profondément. Merci infiniment.

Mes remerciements vont également à Madame **MKEDDER Ikram** pour son encadrement de qualité, sa motivation professionnelle, ses conseils avisés, ses critiques constructives, sa gentillesse et sa patience. Son investissement a été crucial dans la réalisation de ce travail.

Un merci spécial au Docteur **BENHAMADI Mohammed El Amine** et docteur **AMEUR Ameur Abdellkader** et chef du service de onlait et à toute l'équipe du undustri de Tlemcen pour avoir ouvert les portes de leurs structures et pour avoir facilité mon travail dans les meilleures conditions.

Ainsi je tiens à remercier l'équipe de centre i2e pour leur accompagnement de valeur et profsreur **SOULIMANE Sofiane** directeur d incubateur pour leur efforte

Je tiens à exprimer ma gratitude envers les membres du jury docteur **SELKA Sarra** et docteur **BENSENANE Bachir** pour leur présence et leur lecture attentive de ce mémoire, ainsi directeur de centre de formation elssabil **CHERIF Mohammed** pour les remarques constructives qu'ils partageront lors de cette soutenance .

À mes enseignants, je souhaite que ce manuscrit reflète le dévouement que vous avez manifesté tout au long de notre formation. Vos enseignements ont été une source d'inspiration et de motivation.

Un immense merci à tous les enseignants de la faculté des sciences de la nature et de la vie de l'université Aboubaker Belkaid de Tlemcen, ainsi qu'à tous ceux qui ont contribué à notre formation.

À nos parents et nos sœurs, aucun mot ne saurait exprimer l'amour, l'estime, le dévouement et le respect que nous avons pour vous. Votre soutien indéfectible et vos sacrifices ont été la pierre angulaire de notre réussite.

Je souhaite également exprimer ma reconnaissance envers mes amis et collègues pour leur soutien moral et intellectuel tout au long de ce parcours.

Enfin, je tiens à remercier chaleureusement toutes les personnes qui ont contribué, de près ou de loin, à l'élaboration de ce mémoire et à la réussite de ce parcours universitaire. Votre contribution a été précieuse et je vous en suis profondément reconnaissant.

## Dédicaces

*Je tiens tous d'abord à REMERCIER le dieu de  
m'avoir aidé*

*À réaliser ce mémoire que je dédie:  
A mon père « Mohamed » à ma chère  
mère « Djamila » que dieu les  
Garde en bonne santé.*

*A mes sœurs : farah yassmin et nor elhoda*

*A mes tantes et leurs enfants*

*A mes oncles et leurs enfants*

*A MKEDDER Ikr Am pour sa gentillesse et sa  
patience.*

*A mes chère amie qui a été à mes côtés du début à la  
Fin de ce travail.*

*A mes grands parents Allah yrahmhom*

*A toutes les personnes qui me sont chères.*

*Hanaa chahinaz*

## Résumé

Les bovines sont parmi les sources essentielles dans l'alimentation de l'homme, vu son ancienne domestication, cela a mené à une biodiversité élevée de race sur le plan morphologiques, génétique, ce qui était le résultat du polymorphisme élevé de cette espèce, bien que les bovins sont un intérêt de recherche depuis si longtemps, la caractérisation des différentes races reste manquante. Ce travail présente une analyse de 108 races avec un total de 40 individus et 31 microsatellites choisis pour faire une approche d'analyse de données (big data analysis) génétique ou on a utilisé des données de caractérisation des races bovines au niveau de différents pays et des données morphologiques et zootechniques, pour le but de faciliter la comparaison entre plusieurs groupes bovins et aider de la création et développement des races rapides et efficaces. Cette contribution est un point de départ pour une connaissance des positions exactes des microsatellites par rapport des gènes d'intérêt. Discussion générale. La caractérisation moléculaire montre que il y a une corrélation entre les caractères phénotypiques et les locus microsatellite.

**Mot clé :** bovin / polymorphisme / race / microsatellite / gène d'intérêt.

## **Abstract**

Cattle are among the essential sources in the human diet, given its ancient domestication, this led to a high biodiversity of the breed on the morphological and genetic levels, which was the result of the high polymorphism of this species, although Cattle have been a research interest for so long, characterization of different breeds remains lacking. This work presents analysis of 108 breeds each a total of 40 individuals and 30 microsatellites chosen to carry out a genetic data analysis approach (big data analysis) where we used characterization data of bovine breeds at the level of different countries and morphological and zootechnical data, with the aim of facilitating the comparison between several bovine groups and helping the creation and development of rapid and efficient breeds. This contribution is a starting point for knowledge of the exact positions of microsatellites in relation to people of interest .General discussion. Molecular characterization shows that there is a correlation between phenotypic characters and microsatellite loci

**Keyword:** bovin / polymorphism / breed / microsatellite / gene of interest.

## الملخص

تعتبر الماشية من المصادر الأساسية في النظام الغذائي للإنسان، نظراً لتدجينها قديماً، مما أدى إلى تنوع بيولوجي عالي للسلالة على المستويين المورفولوجي والجيني، والذي كان نتيجة لتعدد الأشكال العالي لهذا النوع، على الرغم من أن الماشية كانت الاهتمام البحثي لفترة طويلة، لا يزال هناك نقص في توصيف السلالات المختلفة. يعرض هذا العمل تحليل 108 سلالة، كل منها 40 فرداً و30 قمراً صناعياً صغيراً تم اختيارها لتنفيذ نهج تحليل البيانات الوراثية (تحليل البيانات الكبيرة) حيث استخدمنا بيانات توصيف سلالات الأبقار على مستوى البلدان المختلفة والبيانات المورفولوجية والحيوانية، بهدف تسهيل المقارنة بين عدة مجموعات من الأبقار والمساعدة في إنشاء وتطوير سلالات سريعة وفعالة. وتمثل هذه المساهمة نقطة انطلاق لمعرفة المواقع الدقيقة للأقمار الصناعية الدقيقة بالنسبة للأشخاص محل الاهتمام. مناقشة عامة. يُظهر التوصيف الجزيئي أن هناك علاقة بين السمات المظهرية ومواقع الأقمار الصناعية الدقيقة

**كلمة مفتاحية؛ الأبقار / تعدد الأشكال / السلالة / الأقمار الصناعية الدقيقة / الجين محل الاهتمام**

## Sommaire

Remerciements

Dédicaces

Resumer

Abstract

Liste Des Abréviations

Liste Des Figures

Liste Des Tableaux

Introduction .....	- 1 -
Première Partie : Synthèse Bibliographique .....	- 2 -
Chapitre I : Présentation De L'espèce Bovine .....	- 3 -
1. Systématique Des Bovins .....	- 3 -
2. Origine Des Bovins.....	- 4 -
3. Disruptions Géographiques Des Bovin.....	- 5 -
4. Anatomie Des Bovins .....	- 7 -
5. Reproduction De L'espèce : .....	- 8 -
6. Alimentation De L'espèce .....	- 9 -
7. Génétique De L'espèce.....	- 10 -
A) Notion De Races Bovines :.....	- 11 -
8. Classification Des Races Bovines .....	- 12 -
A) Les Races Laitière.....	- 12 -
B) Les Races A Viande.....	- 15 -
C) Les Races Mixte .....	- 19 -

Chapitre Ii : Techniques De Caractérisation Des Animaux D'élevage .....	- 22 -
1. Importance De La Biodiversité Des Animaux D'élevage .....	- 22 -
2. Polymorphismes Génétiques .....	- 23 -
3. Forces Evolutives.....	- 23 -
4. Méthodes De Caractérisation Des Animaux D'élevage.....	- 23 -
5. La Bioinformatique Et La Génétique .....	- 33 -
Matériel Et Méthode.....	- 36 -
La Zone Etude .....	- 36 -
Matériel Animal .....	- 37 -
Microsatellites .....	- 40 -
L'analyse Des Données Par Marqueurs Microsatellites.....	- 44 -
Principes Des Analyses Faites En Génétique Des Populations Et Eth131-	44
-	
Chapitre V : Résultats Et Discussions.....	- 47 -
Résultat .....	- 48 -
Analyse De Base De Données Selon La Race .....	- 48 -
Analyse De Base De Donnée Selon Format .....	- 55 -
Analyse De Base Donnée Selon Profile.....	- 59 -
Analyse De Base Donnée Selon La Couleur .....	- 63 -
Analyse De Base De Données Selonla Présence Ou Absence Des Cornes	- 68 -
Analyse De Base De Donne Selon Intérêt De Bovin.....	- 71 -
Analyse De Base De Donne Selon Le Poids De Bovin .....	- 74 -
Analyse De Base De Donne Selon Hauteur De Garrot De Bovin .....	- 81 -
Classification Des Races Bovines .....	- 88 -



Déséquilibre De Liaison.....	- 91 -
Discussion : .....	- 116 -
Conclusion.....	- 121 -
Référence Bibliographie :.....	- 123 -
Annexe	

## Liste d'abréviations :

**ADN** : Acide Désoxyribonucléique

**ADNc** : Acide Désoxyribonucléique complémentaire

**ARN** : Acide Ribonucléique

**MADR** : Ministère de l'Agriculture et du Développement Rural

**FAO** : Food and Agriculture Organization

**PCR** : Polymérase Chain Réaction

**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

**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

**EHW** : l'équilibre d'Hardy-Weinberg

**PIC** : Taux de polymorphisme

**He** : l'hétérozygotie théorique

**GST** : coefficient de différenciation génétique

**HT** : La diversité génétique total

**EDTA** : Ethylène diamine tétra acétique

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

**NaCl** : Chlorure de sodium

**SE** : Erreur standard

## Liste des figures :

Figure 1:distrubution des bovin selon l'histoire de domistiation .....	- 4 -
Figure 2:situation de bovin en europe .....	- 6 -
Figure 3 : situation de bovin en Algérie .....	- 7 -
Figure 4:région corporelle extérieur de tête de bovin .....	- 7 -
Figure 5:région corporelle extérieurs des bovins .....	- 8 -
Figure 6: caryotype du génome bovin (Cotinot ., 1992) .....	- 10 -
Figure 7: fiche technique générale de bovin .....	- 11 -
Figure 8: La Race Somba .....	- 12 -
Figure 9:la race red danish .....	- 13 -
Figure 10 :la race holstein .....	- 14 -
Figure 11: la race normande .....	- 15 -
Figure 12:la race guerusey .....	- 15 -
Figure 13:la race charolaise.....	- 16 -
Figure 14:la race romangole.....	- 17 -
Figure 15:la race chianina .....	- 17 -
Figure 16:la race ndama .....	- 18 -
Figure 17:la race limousine .....	- 18 -
Figure 18:la race borgou .....	- 19 -
Figure 19:la race lagunaire .....	- 20 -
Figure 20:la race Simmental .....	- 20 -
Figure 21:La Race Montbéliarde.....	- 21 -
Figure 22: La Race Rendena .....	- 21 -
Figure 23:Le Polymorphisme De Longueur Pour Un Même Locus .....	- 31 -
Figure 24:Un Microsatellite Homozygote.....	- 32 -
Figure 25:Microsatellite Hétérozygote .....	- 32 -
Figure 26:Carte des Sites Des échantillonnage En Europe Des Races Bovines étudié. ....	- 36 -
Figure 27 : graphe de dispersion des races bovin.....	- 88 -
Figure 28 :relation phylogénétique des races bovines.....	- 89 -
Figure 29 : La classification ascendante hiérarchique par distance euclidienne des races bovines .....	- 90 -

Figure 30 : nombre d'allèle mis en évidence pour chaque marqueur microsatellite dans les 107 race étudié ..... - 117 -

## Liste des tableaux

<b>Tableau 1:taxonomie de l'espèce bovin (Linnaeur., 1758).....</b>	<b>- 3 -</b>
Tableau 2:principaux cheptale des bovin dans le monde .....	- 6 -
<i>Tableau 3;les caractères phénotypiques étudié .....</i>	<i>- 37 -</i>
Tableau 4:caractristique principale des microsatellites sélectionné .....	- 40 -
Tableau 5 : une liste de gènes spécifiques chez les bovins .....	- 41 -
Tableau 6 :liste des logiciels bioinformatique utilisées dans les analyses statistique .....	- 42 -
Tableau 7 : <i>paramètres génétiques pour chaque locus étudiés pour race .....</i>	<i>- 48 -</i>
Tableau 8 : paramètres génétiques pour chaque race des bovins .....	- 50 -
Tableau 9 : paramètres génétiques pour chaque locus étudiés pour le format .....	- 55 -
Tableau 10 : paramètres génétiques pour chaque format des bovins .....	- 58 -
Tableau 11 : paramètres génétiques pour chaque locus étudiés selon le profil des bovin.....	- 60 -
Tableau 12 ; paramètres génétiques pour chaque profil des bovins .....	- 61 -
Tableau 13 ; paramètres génétiques pour chaque locus étudiés pour couleur .....	- 63 -
Tableau 14 ; paramètres génétiques pour chaque couleur de robe des bovins .....	- 65 -
Tableau 15 ; paramètres génétiques pour chaque locus étudiés par rapport la présence ou absence des cornes .....	- 68 -
Tableau 16 ; paramètres génétiques pour absence et présence des corne.....	- 70 -
Tableau 17 ; paramètres génétiques pour chaque locus étudiés pour intérêt.....	- 71 -
Tableau 18 ; paramètre génétique selon intérêt des bovin étudié .....	- 73 -
Tableau 19 : paramètre génétique selon le poids des bovin étudié .....	- 77 -
Tableau 20 : paramètres génétiques pour chaque locus étudiés hauteur de garrot .....	- 81 -
Tableau 21 : <i>paramètres génétiques selon hauteur de garrot des bovin étudiés .....</i>	<i>- 82 -</i>
Tableau 22:les résultats de déséquilibre de liaison de population format .....	- 91 -
Tableau 23:les résultats de déséquilibre de liaison de population profil .....	- 95 -
Tableau 24:les résultats de déséquilibre de liaisons dans la population de corne.....	- 103 -
Tableau 25:les résultats de déséquilibre de liaison dans la population d'intérêt.....	- 107 -





# **Introduction**



## Introduction

L'histoire de l'élevage bovin est intimement liée à celle de l'humanité, remontant à environ 10 000 ans lorsque les premiers bovins sauvages furent domestiqués pour répondre aux besoins alimentaires des premières sociétés agricoles (**Peggy Raynaud 2005**). Depuis lors, cette relation séculaire a vu émerger une diversité remarquable de races bovines adaptées à une multitude d'environnements et de fonctions, que ce soit pour la production de viande, de lait, ou comme animaux de trait. Cette diversification a été façonnée par une sélection humaine méticuleuse, initialement axée sur des critères de productivité brute, mais de plus en plus orientée vers la qualité nutritionnelle, sanitaire et organoleptique des produits bovins (**Hugo Yann Laliberte 1998**)

Cependant, l'intensification récente de la sélection génétique, visant à améliorer la productivité et l'efficacité des troupeaux, a entraîné une spécialisation accrue au détriment de la diversité génétique. Ce phénomène, combiné à l'utilisation généralisée de techniques comme l'insémination artificielle qui peut augmenter la consanguinité, pose des défis significatifs pour la résilience et l'adaptabilité des races bovines face aux nouvelles conditions environnementales et aux maladies émergentes (**Falconer, 1989; Hudson et Van Vleck, 1984**).

Face à cette réalité, les programmes de conservation génétique ont émergé depuis les années 70 pour gérer la diversité génétique de manière optimale. Toutefois, dans le contexte économique actuel, il est crucial de trouver un équilibre entre la préservation des ressources génétiques et les impératifs d'amélioration génétique pour répondre aux besoins évolutifs de l'agriculture (**Queval et al., 1998; Naves, 2003**)

Notre recherche se concentre sur une analyse approfondie de 108 races bovines provenant de différents pays, en utilisant des marqueurs moléculaires spécifiques : 31 microsatellites. offrant ainsi une méthode puissante pour étudier la diversité génétique intra et inter-races

L'objectif principal de notre étude est de caractériser la diversité génétique des races bovines en analysant la relation entre les caractéristiques phénotypiques spécifiques (telles que la production laitière, la taille) et la position des microsatellites dans leur génome respectif. Cette approche permettra d'identifier les variations génétiques associées aux performances zootechniques et d'évaluer comment ces variations peuvent être exploitées pour améliorer la sélection et la gestion des troupeaux.

Pour affiner notre analyse, nous utiliserons le déséquilibre de liaison (LD), une mesure statistique qui évalue la non-indépendance entre les allèles à des locus différents. Le LD nous permettra de confirmer l'association entre les caractéristiques phénotypiques des races bovines et les microsatellites spécifiques, fournissant ainsi des indications précieuses sur les locus génétiques influençant les traits d'intérêt dans différentes populations bovines.



En intégrant ces données génétiques et phénotypiques, notre étude vise à enrichir la compréhension scientifique de la diversité génétique bovine à l'échelle mondiale, tout en fournissant des informations pratiques et applicables pour soutenir les programmes d'amélioration génétique et de conservation des races bovines. Ces résultats pourraient également orienter les décisions politiques et économiques visant à préserver la diversité génétique tout en augmentant la productivité et la durabilité des systèmes d'élevage bovin à travers le monde.

# **synthèse bibliographique**





## Chapitre I : Présentation de l'espèce bovine

### 1. Systématique des bovins

Au sens strict, les bovins sont les animaux du genre *Bos* qui a donné son nom à la famille des Bovidés qui est définie pour la première fois par Edward Gray en 1821 ou ruminants "cavicornes" ruminants des anglo-Saxons (**Gunther., 2009**).

Ils comprennent non seulement l'espèce bovine, on devrait dire taurine. Dans un sens plus large, ils peuvent désigner les animaux appartenant à la sous famille des Bovinés : bœuf (genre *Bos*, Linnaeus, 1758), bison, buffle (buffle asiatique et buffle africain genre ainsi que des animaux considérés naguère encore comme des antilopes : (genre *Tetracerus*, Leach., 1825), éléphants (genre *Taurotragus*, Wagner., 1855), et traguélaphes (**genre *Tragelaphus*, Blainville., 1816 - koudous, nyala, guibs et bongo**).

Au sens commun, on désigne comme bovins les grands ruminants domestiques (bœuf, zébu, buffle d'eau...) par opposition aux petits ruminants domestiques (ovins [**Ovisaries, Linnaeus., 1758**] et caprins [**Capra hircus., 1758**]).

Ces derniers appartiennent aussi à la famille des Bovidés, mais dans la sous-famille des Caprinés (**Caprinae, Gray., 1821**). De façon restrictive, le mot bovin peut parfois ne désigner que les bœufs et exclure les buffles,(selon tableau 1)

**Tableau 1:taxonomie de l'espèce bovin (Linnaeur., 1758)**

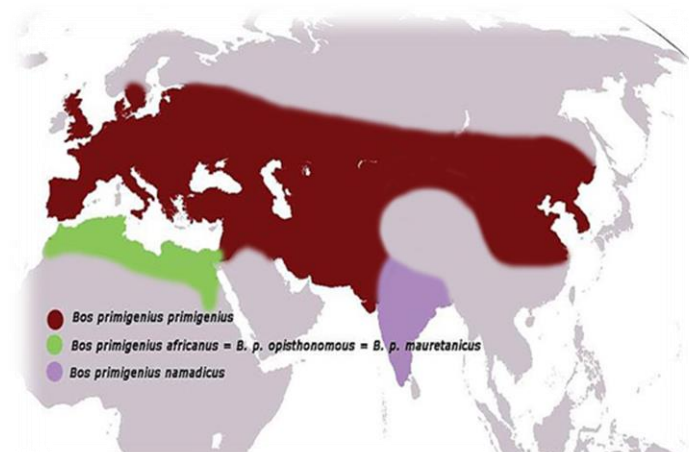
<b>Classification</b>	
<b>Règne</b>	<b>Animalia</b>
<b>Embranchement</b>	<b>Chordata</b>
<b>Sous embranchement</b>	<b>Vertebrata</b>
<b>Classe</b>	<b>Mammalia</b>
<b>Sous-classe</b>	<b>Theria</b>
<b>Infraclasse</b>	<b>Eutheria</b>
<b>Ordre</b>	<b>Artiodactyla</b>
<b>Famille</b>	<b>Bovidae</b>
<b>Sous-famille</b>	<b>Bovinae</b>
<b>Genre</b>	<b>BOS (2n = 60)</b>
<b>Nom binominal</b>	<b><i>Bos Taurus</i></b>



## 2. Origine des Bovins

L'histoire de la domestication est depuis longtemps un centre d'intérêt commun de l'archéologie et de la paléo génétique, et les nombreux travaux effectués ou en cours visent à mieux cerner l'histoire des races bovines actuelles (**Bailey et al**)

Le berceau des Bovidés est le continent asiatique. Une petite forme portant des cornes, du Miocène (Eotragus), est considérée comme l'ancêtre des genres Bos et Bison (**Felius., 1995**).



**Figure 1: distribution des bovin selon l'histoire de domestication**

C'est dans la région des Siwalik en Inde que ses fossiles sont les plus nombreux. De là, il s'est répandu à la fin de la grande ère glaciaire, il y a 250 000 ans, dans toute la région eurasiennne et en Afrique du Nord, tout en adoptant de nombreuses formes locales, qu'il est possible de regrouper en deux types, l'indien, B. p. namadicus à l'origine du Zébu, et l'occidental, B. p. primigenius à l'origine des bovins domestiques (**Felius., 1985 et 1995**).

La forme africaine, B. p. opisthonomus / mauretanicus /africanus est à rattacher à ce dernier rameau. (**Guintard., 2009**). Les bovins domestiques (Bos taurus) qui peuplent nos régions ont pour origine un unique troupeau composé de 80 aurochs sauvages (Bosprimigenius) provenant du Proche-Orient, dans une zone située entre la Syrie et la Turquie, il y a 10 500 ans. Ils seraient ensuite arrivés en Europe grâce à la migration des populations orientales du Néolithique via la vallée du Danube et les côtes Nord de la Méditerranée; Cette domestication d'un si faible nombre d'aurochs s'explique par le fait que ces animaux sauvages étaient relativement dangereux et donc difficile à garder en captivité contrairement aux chèvres par exemple..Parallèlement à cela, l'Aurochs a progressivement disparu en raison de la réduction de son habitat naturel au profit de l'agriculture et de l'élevage grandissant, et d'une chasse effrénée (**Lengerken., 1953, cité par Guintard., 2009**). Pendant les milliers d'années qui ont suivi cette étape majeure de l'histoire du boeuf qu'est la Domestication, la sélection des bovins s'est faite sur diverses aptitudes, dont la puissance de travail, la production laitière, ou celle de viande. Cela a conduit à la création d'un millier de races bovines (**Mason., 1996 cité par Guintard., 2009**).



Selon (**figure1**) la sélection des bovins par l'homme ne se fonde pas sur les mêmes traits que la sélection naturelle. Des caractères indispensables à la survie à l'état naturel ne sont plus utiles à des animaux destinés à être élevés. Cela a progressivement conduit à une atténuation des caractères sauvages des bovins domestiqués, sans pour autant que ceux-ci disparaissent totalement du code génétique. (**Guintard., 2009**). *Bos p. primigenius* fut domestiqué au Nord du Croissant fertile (**Peters et al., 2000**). *Bos p. primigenius* fut l'ancêtre le boeuf et *Bos p. namadicus* le fut plus à l'Est dans le Croissant fertile ou bien dans le bassin de l'Indus, pour aboutir au zébu (*Bos t. indicus*). (**Troy et al., 2001**). La forme africaine décrite serait plus proche du *Bos p. primigenius*, même si les études génétiques récentes permettent de la différencier (**Troy et al., 2001**)

### 3. Disruptions géographiques des bovin

#### *a) Situation de l'élevage bovin dans le monde*

Le cheptel mondial de bovins et de bœufs connaît une croissance lente à long terme, tirée principalement par les pays émergents tels que la Chine et l'Inde, ainsi que par des acteurs majeurs de l'abattage et du commerce en vif, tels que le Brésil, le Mexique et la Colombie. Les pays développés d'Asie, comme le Japon et la Corée, soutiennent également cette croissance pour réduire leur déficit (**GEB., 2022**).

En 2022, la production mondiale de viande bovine a augmenté d'environ 2% par rapport à 2021, avec une forte augmentation aux États-Unis, au Canada, au Mexique, au Brésil, en Chine et en Inde. Les Amériques ont été particulièrement actives sur le marché mondial, avec une hausse significative des exportations du Brésil, de l'Argentine, du Mexique et des États-Unis.

Les échanges mondiaux de viande bovine ont progressé de 5% en 2022 par rapport à l'année précédente, avec une demande croissante en Asie, en particulier en Chine. Cependant, la Méditerranée a réduit ses importations en profitant du retour des disponibilités en bovins vivants colombiens et brésiliens.

Les producteurs du monde entier ont été confrontés à une augmentation de leurs charges en raison du redémarrage de l'économie mondiale post-pandémie de COVID-19 et des conséquences de la guerre en Ukraine. Cette augmentation des coûts a été partiellement répercutée sur les prix à la production, soutenue par une demande globalement stable. La hausse des prix a toutefois réduit le disponible consommable dans les pays exportateurs d'Amérique latine.

Début 2023, le marché mondial semble moins tendu, avec une production annoncée en hausse au Brésil, au Mexique, en Australie et dans la plupart des pays d'Asie. Les États-Unis, le Canada et l'Union européenne (tableau2) devraient être en retrait, (**FAOSTAT., 2022**)

**Tableau 2: principaux cheptale des bovin dans le monde**

Millions de têtes	2010	2019	2020	2021	2022	2022/2021
Inde*	301,9	302,7	303,2	305,5	306,7	=
Brésil*	185,4	187,3	190,0	193,2	193,8	=
Chine	98,2	91,4	95,6	95,6	98,2	+3%
États-Unis	94,1	94,8	93,8	92,1	89,3	-3%
UE	79,9	77,8	77,2	76,6	75,7	-1%
Pakistan*	63,7	87,8	90,8	93,9	**	-
Éthiopie	53,4	65,4	70,3	65,7	**	-
Argentine	48,9	54,5	53,5	53,4	54,2	+2%
Mexique	32,6	35,2	35,7	36,0	36,6	+2%
Australie	26,6	24,7	24,6	26,1	27,6	+6%

Source : GEB - Institut de l'Élevage d'après diverses sources (USDA, CONAB, Eurostat, FAOSTAT, SENASA et Meat & Livestock Australia)

### b) Situation de Bovins en européens

L'équivalent de 37% des volumes de viande bovine abattus au sein de l'UE-27 (sans le Royaume-Uni) ont été échangés entre États membres en 2022. (figure 2)

Les 6 principaux pays exportateurs fournissent 76% des volumes.

Les Pays-Bas (521 000 tét) fournissent à la fois de la viande de veau, de la viande d'autres États membres découpée aux Pays-Bas et de la viande sud-américaine arrivée à Rotterdam.

Ils sont suivis de la Pologne (409 000 tét) et de l'Allemagne (302 000 tét). L'Irlande a expédié 262 000 tét au sein de l'UE, soit presque autant que vers le Royaume-Uni. L'Espagne (230 000 tét) est passée devant la France (224 000 tét)

### c) Situation de Bovins en l'Algérie

De fait, l'Algérie est d'ordinaire demandeuse de brouillards, dont elle est le troisième client de la France. En 2022, les exports de brouillards français vers cette destination ont dépassé de 10 000 têtes le record pré-Covid de 2019, avec 69 000 têtes, qui ont porté l'ensemble des exportations françaises vers les pays tiers à un niveau historique : 78 000 têtes, soit 24 % de plus qu'en 2021 (figure 3)

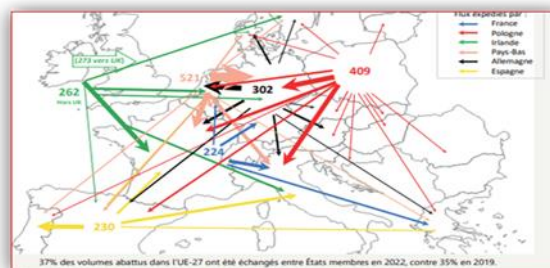


Figure 2: situation de bovin en europe (• Geba 2022)

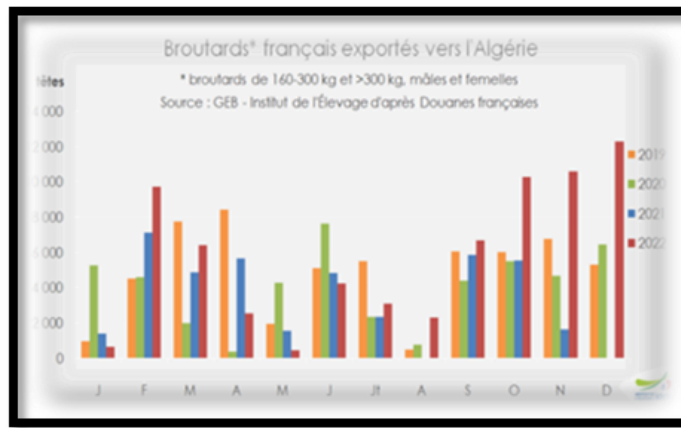


Figure 3 : situation de bovin en Algérie( Geba 2022)

#### 4. Anatomie des bovins

Bos taurus est un grand animal robuste, qui pèse en moyenne 750 kg, avec de larges variations (entre 150 et 1 350 kg), pour une taille au garrot variant entre 120 et 150 cm suivant la race et l'individu.

##### a) Régions corporelles extérieures dues tête

Sa dentition est adaptée à la nourriture fourragère. Elle est composée de 32 dents chez l'adulte : huit incisives inférieures, quatre prémolaires et trois molaires par demi-mâchoire. Les incisives sont coupantes et orientées vers l'avant. Elles permettent de couper l'herbe. Les bovins n'ont pas d'incisives supérieures. Celles-ci sont remplacées par un bourrelet gingival. Les mâchoires sont adaptées au mouvement circulaire qui permet à l'animal de brouter l'herbe. (figure4)

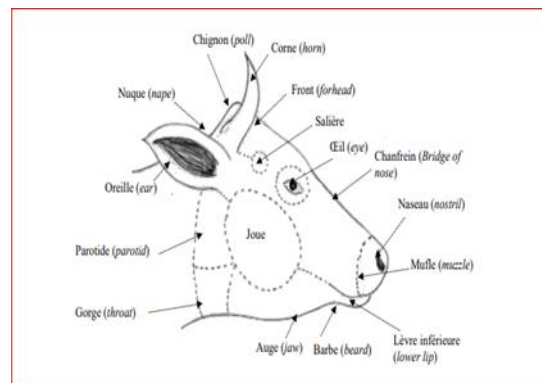


Figure 4: région corporelle extérieur de tête de bovin

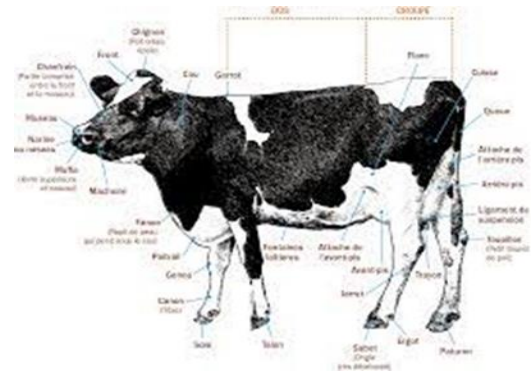
Leur molaires leur permettent de broyer les végétaux afin qu'ils soient suffisamment fins pour être digérés convenablement. Leur langue protractile est recouverte de papilles cornées qui la rendent rêche au contact. Le mufle est large et épais. Le front est assez vaste, plat, et porte des poils crépus et épais à son sommet : le chignon. Entre la ligne des yeux et le mufle, le front se prolonge par le chanfrein. L'animal possède deux cornes creuses, dont la taille varie suivant les animaux, de chaque côté de son crâne. Les cornes sont généralement orientées vers le haut, ou latéralement, et leur forme rappelle les branches d'une lyre. Les oreilles sont basses et en forme de cornets, pendantes chez les zébus. Elles sont couvertes de poils fins à l'extérieur et de poils longs à l'intérieur des pavillons. Les yeux sont légèrement globuleux<sup>1</sup>.



### b) Régions corporelles extérieures

*Bos taurus* a une encolure courte et large, et un fanon qui pend au-dessous de la poitrine. Sa queue est longue et touffue à son extrémité que l'on appelle toupillon. Elle s'attache très haut, dans un renflement situé entre les os du bassin. Le dos est légèrement creux. Les zébus possèdent une bosse juste après l'encolure. Le bassin est saillant et les hanches larges et plates.

Les femelles possèdent un pis attaché sous le ventre à l'arrière de l'animal et maintenu par des ligaments de suspension. (figure5)



**Figure 5: région corporelle extérieurs des bovins**

Comporte quatre mamelles qui se terminent par un trayon long de 5 à 10 cm pour 2 à 3 cm de diamètre.

Son corps est recouvert de poils courts dont la gamme de couleur s'étale du blanc au noir en passant par diverses teintes de rouge et de marron. Les motifs de la robe sont également variés, pouvant être unie, pie, bringée. Comme les autres ongulés, il marche sur les doigts, au nombre de deux. Ceux-ci sont recouverts d'une enveloppe cornée qui forme un sabot.

La température moyenne (anale) est de 39 °C, variant entre 38,5 °C et 39,2 °C.<sup>1</sup>

## 5. Reproduction de l'espèce :

La conduite de la reproduction est l'ensemble d'actes ou de décisions zoo techniques, jugés indispensables à l'obtention d'une fertilité et d'une fécondité optimale (**Badinand et al., 2000**). Pour charron (1986), la maîtrise de la reproduction est un facteur capital pour une bonne réussite de l'élevage. D'après (**Cauty et al., 2003**), chez les mammifères d'élevage, les femelles réalisent au cours de leur carrière un certain nombre de cycles de reproduction qui se succèdent à un rythme variable. Chaque cycle permet d'obtenir un produit commercialisé : lait et/ou plusieurs jeunes

La gestation de la vache dure au total 9 mois. Mais pendant toute cette durée, le fœtus ne grandit pas à la même vitesse : la plus grande partie de sa croissance a lieu au cours des trois derniers mois (du jour 190 au jour 282). Le poids du futur veau passe alors en moyenne de 4 kg (poids qu'il a mis 6 mois à atteindre) à environ 40 kg.

Pendant toute la gestation, les besoins alimentaires de la vache augmentent. Et pendant le dernier tiers de la gestation, l'organisme de la vache qui porte un veau doit maintenir en permanence deux objectifs un peu contradictoires Son alimentation doit pouvoir fournir suffisamment de matériau de construction au fœtus pour qu'il puisse grossir de 35 kg en 3 mois, Mais pendant qu'il grossit dans l'utérus, le veau repousse la panse de la vache vers l'avant.

<sup>1</sup><https://www.techno-science.net/glossaire-definition/Bos-taurus-page-2.html>



Ce qui diminue un peu le volume de cet estomac et augmente la pression dans le ventre de la vache, à la fois sur l'appareil digestif, sur la vessie et augmente le volume total de l'abdomen.

La vache doit donc manger plus avec un estomac plus comprimé. Elle devient donc particulièrement sensible aux problèmes alimentaires, mais aussi aux incidents sanitaires (infections, stress...) qui pourraient se produire pendant cette période (**BENYAROU., 2016**)

## 6. Alimentation de l'espèce

Parmi les facteurs qui influencent la conduite et la production d'un troupeau bovin, il est important de citer l'alimentation qui est un facteur limitant majeur à l'amélioration de la productivité d'un élevage. Elle occupe une place importante dans les charges des exploitations, et sa maîtrise est très importante pour que l'élevage soit rentable en termes de production.<sup>3</sup> L'alimentation repose sur des contraintes de mieux en mieux connus mais de plus en plus difficiles à satisfaire au fur et à mesure de l'augmentation de la productivité laitière. Les animaux ont besoins d'eau et de nourriture pour vivre, grandir, travailler et donner du lait. Même quand la vache n'est pas productive, elle a besoin d'énergie pour respirer, se déplacer et ruminer, et de protéines pour se développer (**Wolter ., 1994**). (**Soltner ., 1990**), dénombre huit points recherchés dans une ration journalière que l'éleveur doit connaître. La ration doit fournir :

- L'énergie à l'organisme ;
- des matières azotées ;
- des matières minérales ;
- des vitamines ;
- elle doit permettre l'abreuvement nécessaire avec une eau de qualité ;
- elle ne doit pas contenir de substance toxique ;
- elle doit se présenter sous un encombrement correct ;
- elle doit être productive et économique.

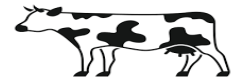
Les aliments apportent aux animaux les substances nutritives dont ils ont besoins.

### a) Les aliments fourragers

Selon (**Yaakoub ., 2006**), les fourrages représentent la principale source d'alimentation des ruminants, ce sont des aliments constitués par l'ensemble des parties aériennes des plantes fourragères provenant des prairies permanentes et temporaires. Par ailleurs, (**Wolter., 1992**) désigne que le fourrage constitue la ration de base (foin, paille, ensilage). En outre, (**Charron.,1986**) indique que l'éleveur devra apporter au troupeau laitier des fourrages de haute valeur nutritive (herbe jeune, ensilage d'herbe ou de maïs...etc.) qui apporte un maximum d'éléments nutritifs sous un faible volume de matière sèche.

### b) Les aliments concentrés

Ils peuvent être décrits par leurs caractéristiques et leurs effets sur le fonctionnement du rumen. Ils sont pauvres en fibres et riches en énergie (par comparaison aux fourrages), et ont un contenu variable en protéines. Les vaches qui possèdent un grand potentiel de production laitière ont aussi un grand besoin en énergie et en protéines. Etant donné que la quantité de fourrage ingérée par jour est limitée, les fourrages seuls ne peuvent pas fournir l'énergie et les protéines requises. (**Wattiaux et al., 1995**) Donc Un aliment concentré se présente sous une forme sèche (en moyenne 90% de MS) riche en énergie et/ou en azote plus au moins facilement dégradable (**Cauty et al., 2003**).



### c) Alimentation en L'eau

Pour produire le lait et la salive, les vaches ont besoin de grandes quantités d'eau. Le fourrage leur fournit une partie d'eau dont elles ont besoin (**Bonnier., 2004**). D'après (**Ferre., 2003**), la quantité d'eau absorbée est très variable en fonction de la nature de la ration et de l'état physiologique. En moyenne, une vache a besoin de 4 litres d'eau par kg de MSI et 1 litre supplémentaire par kg de lait produit. Lors d'une augmentation de la température ambiante, le besoin en eau peut augmenter de 20 à 40%.

## 7. Génétique de l'espèce

Le génome bovin est semblable par sa taille, aux génomes des humains et d'autres mammifères ; il compte environ trois milliards de paires de base, et entre 25000 et 30000 gènes (**Gibbs et al., 2006**).

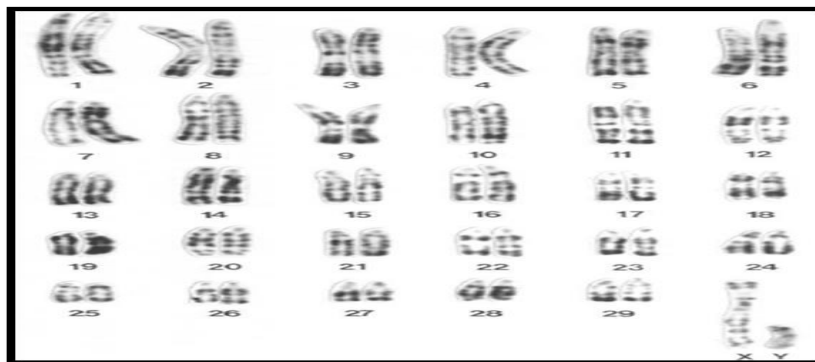


Figure 6: caryotype du génome bovin (Cotinot ., 1992)

Le nombre exact des chromosomes du bovin domestique (*Bos Taurus*) est constitué de 60 chromosomes et a été décrit, pour la première fois, dans des coupes histologiques de tissu testiculaire (**Krallinger., 1927**).

Les 58 autosomes sont acrocentriques et les deux chromosomes sexuels, X et Y sont submétacentriques (**Melander., 1957**). Le chromosome X est le plus grand chromosome du caryotype et l'Y le plus petit (**Figure-6**).

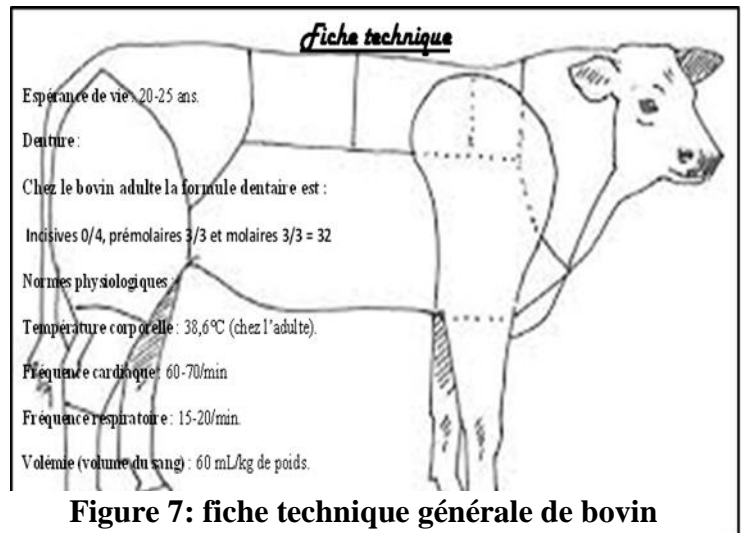




### a) Notion de races bovines :

Dès que la reproduction a été maîtrisée (un critère majeur de domestication), l'éleveur a été à même de constater les effets de la variation biologique :

Ses animaux présentent des aptitudes différentes, de nouvelles potentialités apparaissent lorsqu'il procède à des croisements ou à des hybridations, et certains traits avantageux peuvent être fixés et transmis à la descendance (**Chaix et Grant., 1990**) La forme générale et la couleur des animaux sont les caractères les plus apparents (en terme de zootechnie, c'est la phanéroptique). L'association des caractères morphologiques (**figure7**)



**Figure 7: fiche technique générale de bovin**

et d'aptitudes fonctionnelles particulières (qui sont aujourd'hui basées essentiellement sur des critères de production) permet de différencier, de conserver et d'améliorer les souches et les races animales. Ce processus a débuté dès les débuts de la domestication, en laissant par exemple les femelles domestiques être couvertes par des mâles sauvages, pour obtenir ainsi des sujets plus robuste. Ces sujets, plus grands que leurs parents domestiques (**Audoin-Rouzeau., 1991**),

### Les caractéristiques génétiques des races bovines

Pour que des individus soient censés appartenir à la même race, ils doivent (sans que ce soit une condition absolue) se ressembler par la conformation générale du corps, ou par le développement spécial de certaines aptitudes également héréditaires. Ces aptitudes s'allient ordinairement à l'identité de formes ; mais il arrive aussi que la ressemblance générale de conformation, au lieu de s'étendre à toute la race, se restreint à certains groupes de cette race. DERVILLE Marie

On peut distinguer différents types de races :

- ❖ La race non encore standardisée ou « population traditionnelle », présente dans une région donnée et candidate à voir son existence officialisée. La situation est encore fréquente dans les pays en développement (le cas de l'Algérie).
- ❖ La race à standard (le concept est né en Angleterre au XVIIIe siècle). Sous ce type, on trouve également :
  - ❖ Des races à grands effectifs ;
  - ❖ Des races menacées, ou races à petits effectifs.



- ❖ Des races internationales qui existent dans plusieurs régions du monde (e.g. la race bovine « Holstein »)
- ❖ Des races locales. Une race locale est définie comme une race majoritairement liée, par son origine, son lieu et son mode d'élevage, à un territoire donné. Les signes principaux servant à faire discerner les races sont appréciés d'après certaines différences de conformation (du corps, de la tête, de la charpente osseuse, etc.) et des phanères (les poils, la laine, les cornes, etc.), etc.

## 8. Classification des races bovines

### a) Les races laitière

Race laitière est une vache élevée pour produire du lait destiné à la consommation humaine sont sélectionnées sur un seul critère: la production de lait, en quantité et en qualité (matière grasse et matière protéique notamment) les races les plus connu sont ;

#### ➤ *La race Somba Bovin*

La race bovine Somba est l'une des races autochtones de l'Afrique de l'Ouest. De ce fait, elle a acquis une grande rusticité dans son milieu naturel en plus du fort potentiel de production qu'elle pourrait exprimer dans de bonnes conditions d'élevage. C'est une race du groupe des bovins trypanotolérants d'Afrique de l'Ouest sans bosse (*Bos taurus*) les caractéristiques physiques des Somba, comme pour tout groupe ethnique, peuvent varier considérablement d'une personne à l'autre. Cependant, il y a des tendances générales qui peuvent être observées dans cette population :

Les Somba ont souvent une stature moyenne à petite, bien que cela puisse varier individuellement. Ils ont tendance à être plutôt trapus et robustes, ce qui peut être attribué à leur style de vie principalement agricole et aux conditions environnementales dans lesquelles ils vivent.(figure8)

Les caractéristiques faciales des Somba peuvent inclure des pommettes saillantes, des nez larges et plats, des lèvres pleines et des mentons forts. Encore une fois, ces traits peuvent varier considérablement d'une personne à l'autre.



**Figure 8: La Race Somba(Soule-Hamidou2015)**

La couleur de peau des Somba varie généralement du brun clair au brun foncé. Ils ont souvent une pigmentation plus foncée en raison de leur exposition au soleil dans des régions tropicales.

Les Somba ont souvent des cheveux noirs, raides à légèrement ondulés. Les coiffures traditionnelles peuvent varier, mais les cheveux sont souvent portés courts ou tressés Les Somba peuvent également avoir des marques tribales ou des scarifications sur leur visage ou leur corps, bien que ces pratiques puissent être moins courantes de nos jours (**Tiropa Francis Chabi China et al., 2016**).



### ➤ **La Race Red Danish**

Les bovins rouges danois constituent l'élevage de bovins laitiers le plus important et le plus important en Europe du Nord. Le Rouge Danois est également connu sous différents noms tels que Red Danish, Rødt Dansk Malkekvg (danois) et Fünen. Il s'agit d'une race à double usage, élevée pour la production de lait et de viande. La race bovine rouge danoise a en fait été développée au Danemark sur la base de la race bovine locale élevée avec les races bovines Angeln et Schleswig Angeln. La race est disponible et importée dans de nombreux autres pays du monde. Il a également été utilisé pour développer plusieurs autres races locales telles que l'Estonie-Rouge, la Lettonie-Rouge, la Biélorussie-Rouge, la Lituanie-Rouge, la Pologne-Rouge, la Bulgarie-Rouge, la Tambov-Rouge ou la Russe-Rouge (**Eurasia Livestock., 2018**).

La race est également appréciée en termes d'hybridation dans les pays tropicaux. Leurs couleurs rouge foncé les ont rendus populaires en hybridation avec les races laitières de zébus rouges dans les pays tropicaux tels que Butana, Red Sindhi et Sahiwal. La production laitière de la race est remarquable et ses vaches peuvent donner un lait de très bonne qualité. De plus, une fois leur vie utile terminée, ils peuvent être utilisés comme race de boucherie. Cette race représentait 61 pour cent de tous les cheptels bovins du Danemark au début des années 60 ; ce taux a été ramené à un peu plus de 20 pour cent au début des années 80. Aujourd'hui, il existe plus de 42 599 vaches de race au Danemark, et cette race existe dans de nombreux pays à travers le monde. Vous trouverez ci-dessous plus d'informations sur la race.(**figure9**)

Danish-Red est célèbre pour la qualité du lait qu'elle produit. Leur lait contient plus de matières grasses laitières (environ 4,1 %) et de protéines (environ 3,5 %) que le Holstein Friesian.

Les vaches rouges danoises de couleur rouge plate pèsent généralement environ 660 kg et les taureaux matures (généralement de couleur plus foncée) pèsent environ 1 000 kg. Les veaux naissent entre 36 et 40 kilos environ. Les vaches sont très productives, vivent longtemps et sont fertiles. Le processus de vêlage est relativement fluide et les intervalles entre les vêlages sont légèrement inférieurs à 13 mois.



**Figure 9:la race red danish (RDM-1970)**

Les bovins danois-rouges sont élevés comme étant résistants aux maladies. Leur bon système immunitaire indique qu'ils ne souffrent pratiquement pas de problèmes de santé, par exemple leur résistance à la mammite est très bonne.

Les bovins danois-rouges sont durables et compatibles ; ils peuvent vivre aussi bien dans des régions chaudes que froides. Les bovins rouges danois sont hybridés avec succès avec d'autres races bovines, et de nombreuses races récemment sélectionnées, telles que le rouge biélorusse, le rouge bulgare et le rouge estonien, ont été très populaires.

Bien qu'elle soit principalement cultivée comme race laitière, la viande du Rouge danois est également bien acceptée (le rendement à l'abattage est généralement d'environ 56 %).



➤ **La race Holstein**

Connue pour sa forte production laitière, la qualité de ses mamelles et de ses membres et pour son efficacité alimentaire, la vache Holstein fait depuis des décennies l'objet d'une sélection rigoureuse afin de produire du lait dans un environnement relativement intensif. Elle démontre pourtant sa polyvalence en étant efficace dans différents systèmes tels que la pâture intégrale avec vêlage saisonnier (principalement en Irlande et Nouvelle-Zélande), les systèmes basés sur les fourrages secs pour production fromagère (production de Gruyère), ou l'affouragement en ration totale mélangée basée sur les ensilages<sup>2</sup>.(figure10)



**Figure 10 :la race holstein (Robin Vergonjeanne 2014 )**

Dans la plupart des pays, la race Holstein représente plus de 90% du cheptel laitier. En Suisse, son importance n'était que régionale dans les années 70. Depuis lors, elle a connu un essor considérable pour représenter actuellement près de 45% de la population bovine suisse. Son potentiel de développement n'est pas encore épuisé.

La race Holstein trouve son origine aux Pays-Bas. Durant des siècles une race laitière a été sélectionnée dans l'ancienne province de Hollande et Frise occidentale (la région au nord d'Amsterdam). Les animaux étaient sélectionnés pour leur lait et leur viande. L'importation d'animaux n'était que peu répandue.

Jusqu'au milieu du XVIIIe siècle, les animaux de cette région étaient principalement rouges. A partir de 1713, des veaux noirs sont importés du Danemark. Etant donné le caractère dominant de ce gène, la plupart des animaux ont ensuite eu la couleur noir, mais la race Holstein est toujours présente en deux couleurs.

A partir de 1857, des éleveurs américains, principalement de l'Etat de New York, s'intéressent à l'importation de vaches « Hollandaises » (Dutch Cows) pour remplacer leurs vaches de race britannique (Jersey, Guernsey, Ayrshire). Le premier importateur Winthrop W. Chenery, de Boston, deviendra également le premier président de « l'Association des éleveurs de race pure Holstein », l'ancêtre de l'Association Holstein des Etats-Unis (US Holstein Association). Lors de la fondation de cette association, il est décidé de nommer la race « Holstein » plutôt que « Hollandaise », bien que la race ne provienne pas de la région Holstein, au nord de l'Allemagne.

En tout, près de 8'000 animaux traverseront l'Atlantique pour le Nouveau Monde. Dès 1882, des vaches Holstein traverseront la frontière pour aller s'établir au Canada

➤ **La race Normande**

La Normande est issue d'un croisement ancien entre les bovins qui peuplaient la Normandie et des animaux introduits par les conquérants Vikings. Race mixte de grande taille, la Normande permet à l'éleveur d'optimiser le produit viande de son troupeau laitier

<sup>2</sup> <https://www.holstein.ch/fr/qui-sommes-nous/la-race-holstein/>



avec des animaux adaptés aux besoins du consommateur du fait de la tendreté, du persillé et de la saveur de cette viande. (figure11)



Figure 11: la race normande( Nait CHABANE Soraya., 2015)

La Normande s'impose comme la première grande race laitière française pour la richesse de son lait en protéines et la qualité fromagère. La sélection de la race est orientée vers une augmentation de la quantité de matière protéique produite tout en améliorant la morphologie fonctionnelle et en maintenant les qualités bouchères, la rusticité et la fécondité.

Elle est connue par ses facilité de vêlage, elle s'adapte bien a l'élevage en plein air : C'est la meilleure race des zones tempérées (Nait CHABANE Soraya., 2015)

### ➤ La Race Guernsey

**Origine :** la race est présente à guernesey, île britannique située au large des côtes françaises dans la manche, depuis le 10ème siècle. la guernsey aurait été créée par des moines français, à partir de deux races normande et bretonne. depuis 1789, une loi interdit l'importation de bovins sur l'île, ce qui a permis à la guernsey de se développer sans apport extérieur.(figure12)

**Aptitude :** avec un corps mince et anguleux, sa conformation "laitière" est proche de celle de la jersey. Elle a de bonnes qualités d'élevage : résistance à la chaleur, facilité de vêlage, douceur de caractère. son lait, jaune en raison de sa forte teneur en carotène, est riche en protéines et en matière grasse.



Figure 12:la race guerusey

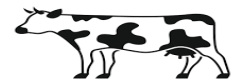
**Économe :** la guernsey consomme moins d'aliments par kilo de lait produit que les autres grandes races laitières. sélection :elle a été sélectionnée d'abord sur la qualité du lait, puis sur la quantité. elle produit un peu plus de 3.700 kg par an mais avec 4,26% de matières grasses et 3,5% de protéines.

**Expansion :** l'île de guernesey ne compte pas plus de 2.000 têtes. la guernsey est très répandue engrande-bretagne, aux usa (depuis 1868), en australie (depuis 1898), en Amérique du sud et en Afrique du sud.<sup>3</sup>

### b) Les races à viande

(Dites races allaitantes parce que les femelles allaitent leur veau), sont sélectionnées pour leur aptitude à produire de la viande (développement musculaire, gain moyen quotidien, proportion de morceaux à cuisson rapide, etc.), leur potentiel laitier étant uniquement destiné à la croissance du veau pendant les premiers mois de sa vie.

<sup>3</sup>[HTTPS://WWW.LA-VIANDE.FR/ANIMAL-ELEVAGE/BOEUF/RACES-BOVINES/ROYAUME-UNI-IRLANDE/GUERNSEY](https://www.la-viande.fr/animal-elevage/boeuf/races-bovines/royaume-uni-irlande/guernsey)



➤ **La race Charolaise**

La race Charolais, l'une des plus anciennes d'origine française, a été la première race d'Europe continentale à être importée au Canada. Les premiers sujets sont arrivés de France en 1967. La couleur de la robe, toujours uniforme, est généralement blanche ou crème.

Cependant, des couleurs, dont notamment le rouge, sont désormais observées chez cette race. La pigmentation de la peau est pâle (rosée). Originellement, cette race présentait des animaux avec cornes mais aujourd'hui, les bovins Charolais canadiens sont majoritairement acères. **(figure13)**

Le poids moyen des taureaux Charolais adultes est d'environ 1100 kg, alors que le poids des femelles adultes atteint en moyenne les 700 kg. Ce sont des animaux présentant des muscles épais surtout au niveau du dos, des reins et de la culotte. La maturité sexuelle de ces bovins de grande ossature est plus tardive comparativement à celle des races d'ossature moyenne, mais la fertilité est bonne. Beaucoup d'efforts de sélection ont été réalisés par les producteurs canadiens pour améliorer la facilité de vêlage. Ces efforts ont porté leurs fruits, à un tel point que ce n'est plus vraiment un problème aujourd'hui.



Les producteurs ont également amélioré la production laitière des femelles ainsi que la circonférence scrotale des mâles afin de bonifier les paramètres de reproduction – meilleure fertilité et précocité. Les veaux Charolais affichent un fort potentiel de croissance et un développement musculaire rapide.

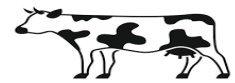
D'ailleurs, cette race démontre une des meilleures vitesses de croissance chez les jeunes sujets. Ils ne sont pas portés à déposer du gras prématurément. Au contraire, leur programme alimentaire doit assurer un niveau de gain assez soutenu pour obtenir la couche de gras qu'exige le marché. Le rendement à l'abattage de cette race est très bon grâce à sa bonne musculature. Sa vitesse de croissance jumelée à sa musculature font que cette race est probablement l'une de celles qui est la plus utilisée en croisement à travers le monde pour la production de viande<sup>4</sup>

**Figure 13: la race charolaise (Anne-Marie Christen 2006)**

➤ **La Race romagnole**

---

<sup>4</sup>Fédération des producteurs de bovins du Québec Octobre 2006 <https://bovin.qc.ca/wp-content/uploads/2016/03/Les-races-de-bovins-de-boucherie-2006.pdf>



Cette ancienne race d'Italie résulte de croisements d'animaux locaux avec des immigrants d'origine podolique, et de l'adaptation progressive des produits de ces croisements au milieu local.

Cette race elle a une poil est court, soyeux et de couleur grise avec des nuances plus sombres sur l'encolure, les épaules, le pourtour des yeux et sur les membres. La couleur est mains foncée chez les femelles. La peau est pigmentée et la langue, le mufle, les muqueuses, le toupillon de la queue et les onglons sont de couleur noire. La peau est souple et d'épaisseur moyenne. La tête a un profil rectiligne, elle est relativement courte; le front et le mufle sont larges. Les cornes sont de longueur moyenne, noires A, la racine, puis jaunes A. la base et enfin noires aux extrémités. Elles s'évasent vers le haut et vers l'avant chez les males, tandis qu'elles se retournent vers l'arrière chez les femelles. Le tronc est cylindrique et de profil rectiligne; la poitrine est profonde et les côtes sont bien arrondies; les épaules sont musclées, le rein et le dos sont larges et de longueur moyenne. L'arrière-main est longue et large, descendant doucement à partir de l'épine dorsale. Les membres sont relativement courts, muscles et solidement charpentés (AVON Laurent., 2001). (figure14



**Figure 14:la race romangol(AVON Laurent., 2001)**

➤ **La race Chianina**

On trouve la race Chianina dans les provinces d'Arezzo, de Sienne, de Pérouse, de Florence et de Pise, et elle s'est étendue

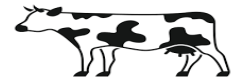
Cette race elle a un poil est doux, d'une couleur blanc porcelaine; chez les taureaux, toutefois, le gris est toléré dans les oreilles et les parties antérieures du corps, mais chez les deux sexes, les paupières, les cils et le toupillon de la queue sont couverts de poils noirs. Le mufle, les muqueuses, les bouts des cornes, ainsi que les onglons sont noirs. La peau est pigmentée, souple et facile à soulever. La tête assez longue A. un profil droit, les cornes sont noires chez le jeune animal mais deviennent blanc jaunâtre, sauf aux extrémités, après deux ans. Elles sont courtes, évasées, tournées vers l'avant et légèrement vers le haut. Le fanon est bien développé; le corps, cylindrique, est large et profond, les épaules un petit peu plus hautes que la ligne du dessus sont larges et musclées. (AVON Laurent., 2001)(figure15)



**Figure 15:la race chianina(Meyer 2013)**

➤ **La race N'Dama**

La race N'Dama, de type rectiligne, médmligne, eumétrique, a été parfaitement décrite par DOUTRESSOULLE. La conformation générale est un peu massive et trapue chez le taureau, mais les formes sont harmonieuses et d'une grande finesse chez la vache. La tête est large et



forte. Les cornes ont des formes et des dimensions très variables. Toutefois, les cornes en lyre effilées à l'extrémité sont les plus fréquentes. Les poils sont fins et courts. La robe présente toutes les nuances du fauve, mais la plus répandue est la robe froment ordinaire. Elle présente toujours des renforcements de ton aux extrémités et s'éclaircit, au contraire, sous le ventre et à la face interne des membres. (figure16)



**Figure 16: la race ndama (Iribagiza Albert 2020)**

On rencontre quelquefois des robes très foncées, pouvant aller jusqu'au noir franc, pic noir, pie fauve, mais très rarement complètement blanches. La peau est fine et souple. Elle forme un fanon peu marqué qui n'existe que dans la partie inférieure de la poitrine. Les muqueuses sont généralement roses, mais aussi fréquemment noires. Les valeurs moyennes des principales mensurations corporelles d'animaux âgés de 4 ans par **J. COULOMB., 1976.**

➤ **La race limousine**

La limousine est une race bovine française rustique originaire du Limousin, qui est principalement vouée à la production de viande. La race bovine limousine est une race bouchère de grand format avec une robe froment vif, pas trop foncé, un peu plus clair sous le ventre, sur la face postérieure des cuisses et dans la région du périnée, de l'anus

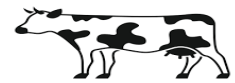


**Figure 17: la race limousine**

et des bourses ou du pis et de l'extrémité de la queue. Absence de toute tâche et pigmentation, muqueuses roses. Tête courte, front et mufles larges, auréoles plus claires autour des yeux et du mufle, cornes fines arquées en avant et légèrement relevées à leur extrémité (lorsqu'elles sont présentes). (Figure17)

Encolure courte. Poitrine large et arrondie, côte ronde. Bassin large, surtout au niveau des ischions, pas trop incliné. Ligne sacrée et hanches peu saillantes. Avant-main bien musclée, dessus très large avec des muscles saillants. Culotte épaisse, descendue et rebondie. Cornes et onglons blonds. Aplombs corrects. Cuir souple et fin. » article 1 du titre I du règlement intérieur du herd-book limousin, 1<sup>er</sup> août 1991. Ainsi, la première caractéristique de la limousine est sa robe uniforme de couleur froment vif à rouge pâle avec des auréoles plus claires autour des yeux et du mufle. Toutefois, les animaux à la robe noire sont acceptés en





tant que limousins aux États-Unis notamment. C'est une vache de grand format : la vache mesure 135 cm au garrot pour 750 kg et le taureau 145 cm pour 1 100 kg<sup>5</sup>.

### c) Les races mixte

Le terme de race mixte s'applique généralement aux bovins qui sont exploités à la fois pour leurs aptitudes laitières et bouchères. Leur lait, riche en protéines, présente une excellente valeur fromagère. Leurs qualités maternelles en font des races de mère efficaces dans la production de viande. Les races mixtes sont d'ailleurs souvent « le fleuron » des filières qualité. (Marine Leschiutta., 2024)

#### ➤ La race Borgou

La race Borgou est issue d'un croisement lointain stabilisé entre les taurins à courtes cornes (Somba et, accessoirement, Lagunaire) et les zébus, principalement le White Fulani Originaire du département du Borgou au Bénin, son aire de distribution géographique s'étend au Togo, au Burkina Faso (Méré) et au Nigeria . Au Bénin, cette race représente de l'effectif national bovin et son mode d'élevage est de type extensif et traditionnel (sédentaire ou transhumant) basé sur l'exploitation du pâturage naturel (A.K.I. Youssao 1, et al., 2000) Les bovins de race Borgou sont connus pour leur capacité à s'adapter à des conditions environnementales difficiles, notamment la chaleur et la sécheresse.(figure18)



Figure 18:la race borgou(Armand Gbangboche 2016)

Ils présentent une certaine résistance aux maladies courantes et aux parasites, ce qui en fait des animaux relativement robustes dans des environnements où les soins vétérinaires peuvent être limités.la race Borgou sont de taille moyenne à grande. Les taureaux peuvent peser entre 500 et 800 kg, tandis que les vaches pèsent généralement entre 350 et 550 kg.: Bien que principalement élevés, pour leur viande, les bovins Borgou produisent également du lait, bien que leur rendement laitier soit relativement modeste par rapport à certaines autres races. Ils ont généralement une robe de couleur rouge à brun foncé, parfois avec des marques blanches sur le visage ou le ventre.

#### ➤ La Race Lagunaire

Description des bovin Lagunaire Le taurin lagunaire est un animal de petite taille, de formes rectilignes, brévilignes, ellipométriques. Il possède des orbites saillantes (Touré., 1977).

Les cornes sont courtes (14 à 21 cm en moyenne). Elles s'évasent à partir du chignon et sont arquées en haut et en avant. Elles sont claires à la base et noires aux extrémités. Leur

<sup>5</sup>[https://www.doc-developpement-durable.org/file/Elevages/Bovin/races/Limousine-race%20bovine\\_-Fr.pdf](https://www.doc-developpement-durable.org/file/Elevages/Bovin/races/Limousine-race%20bovine_-Fr.pdf)



surface est rugueuse (**Domingo., 1976**). La robe est souvent noire, généralement pie-noire.(**figure19**)

Les animaux rouges ou rouges et blancs sont très rares. Cependant, des individus fauves, gris foncé ou tachetés de gris clair. On pense que les animaux inégaux rouges, bruns ou rouges et blancs trouvés en Côte d'Ivoire sont un mélange avec le Ndama (**Aboagye et al., 1994**).



Le poids moyen de ces animaux est très variable. Selon (**Touré ., 1977**), le groupe Lagune représenté en Côte d'Ivoire, au Bénin et au Togo présente des phénotypes variables, noire, pie noire La race des lagunes du golf

**Figure 19:la race lagunaire (Aboagye et al., 1994)**

du Bénin présente une longue tête au profil rectiligne, un front plat ou légèrement concave. Le chanfrein est rectiligne, le chignon droit avec une dépression médiane, Les orbites sont saillantes, le pourtour des yeux noirs. Le mufle épais et également noir (**Domingo., 1976**).

Le poids moyen de ces animaux est très variable. Ils varient de 188 kg à 280 kg chez les adultes de cinq ans au Togo et au Bénin. La hauteur au garrot peut atteindre 95 cm chez les vaches adultes de 5 à 10 ans; quelques sujets exceptionnels atteignent 105 cm (**Domingo., 1976**).

Les différentes mensurations corporelles chez les taurins d'Afrique de l'ouest sont présentées dans le tableau 1. Les taurins Muturu du Nigeria présentent le plus petit format avec une hauteur au garrot de 91,4 cm chez les mâles et 83,5 cm chez les femelles. Il est suivi des taurins lagunaires du Bénin avec une hauteur au garrot enregistré de 95 cm. Les taurins baoulés occupent la troisième position et les taurins Ndama occupent la position de plus grand taurin d'Afrique de l'Ouest comme l'a souligné (**Kanh., 2020**).

### ➤ *La race Simmental*

La race Simmental française est originaire de la vallée de Simme en Suisse. Elle se rattache au rameau tacheté jurassique d'Europe centrale, connue sous le nom de Simmental (Suisse), Flekvieh (Allemagne et Autriche), Peezata Rossa (Italie), la Simmental française est exploitée dans plus de 20 départements français. Elle fait partie de la grande population pie rouge forte de 40 millions de têtes dans le monde; elle est présente sur les 5



**Figure 20:la race Simmental (Nait CHABANE Soraya, 2015)**



continents et

exploitée aussi bien en race laitière qu'en vache allaitante (Nait CHABANE Soraya, 2015).

Physiquement, les animaux de race Simmental se distinguent par leur robe caractéristique, qui est généralement rousse avec des marques blanches sur la tête, le ventre et les pattes. Ils ont une stature imposante, avec un corps musclé et bien développé, ce qui en fait une race appréciée également pour sa viande de qualité. **(figure20)**

En ce qui concerne la production laitière, les vaches Simmental produisent un lait de bonne qualité, bien adapté à la transformation fromagère. Elles sont également réputées pour leur fertilité et leur longévité, ce qui en fait des animaux appréciés dans les exploitations laitières.

Du côté de la production de viande, les bovins Simmental présentent une croissance rapide et un bon rendement en viande, avec une excellente conformation musculaire. Leur aptitude à s'adapter à différents environnements et leur tempérament docile en font une race populaire auprès des éleveurs du monde entier.

➤ **La race Montbéliarde**

La race montbéliarde appartient au rameau des "Pie Rouge Continentale" sa zone d'origine est la Franche-Comté. Cette race qui bénéficie de plus de 100 ans d'une sélection autochtone. C'est une race mixte, elle est essentiellement laitière. **(figure21)**



**Figure 21: La Race Montbéliarde (Xavier., 2007)**

Son lait a une excellente valeur fromagère, possède aussi des qualités bouchères. Elle se situe au premier plan pour ses qualités d'élevage ses caractères fonctionnels (résistance aux mammites, fertilité, longévité, facilité de vêlage). Montbéliarde répond parfaitement aux exigences économiques des producteurs et transformateurs des filières lait et viande **(Xavier., 2007)**

➤ **La Race Rendena**

Cette race se trouve principalement dans la vallée de Rendena; on la trouve également dans les provinces de Padoue et de Vicence.

La race Rendena est, depuis longtemps, adaptée aux conditions de la vie en montagne, caractérisée par une réduction de l'alimentation hivernale. Evidemment elle est susceptible de répondre à une meilleure alimentation, et l'attention se concentre de nos jours sur cette race en tant que race laitière; elle est d'ailleurs fréquemment croisée avec la



**Figure 22: La Race Rendena (Avon Laurent., 2001)**



Brune des Alpes en vue d'augmenter sa productivité. (**figure22**)

Les laitières reçoivent du foin, de la paille et des aliments de complément. Les efforts de standardisation des méthodes d'élevage sont tels que l'écart entre les exigences alimentaires et l'alimentation réelle est de plus en plus réduit.

Le pelage, marron foncé, est presque noir sous le ventre et A. l'intérieur des membres; une ligne blanchâtre court le long du dos. La couleur peut varier de fawn notable selon l'endroit des corps, et les côtés sont souvent pommelés. La tête, large au niveau du front, est plutôt longue, les yeux, mais le profil est généralement droit. Le mufie est large, de couleur variable, et il est entouré de poil blanc. Les cornes sont jaunâtres A la base, avec des extrémités noires; elles sont tournées en dehors et en avant, et souvent aussi en haut, avec les extrémités recourbées vers l'arrière. La ligne du dessus est bien droite, la poitrine raisonnablement profonde, les côtes sont bien arrondies et l'abdomen volumineux. Le rein est bien développé ; l'arrière-main, bien descendue, est longue et large. Les animaux ne sont pas particulièrement musclés et le squelette n'a pas un développement considérable. La mamelle, plutôt petite, est de forme irrégulière ; les trayons sont de taille moyenne ou longue. ( **Avon Laurent., 2001**)

## **Chapitre II : Techniques de caractérisation des animaux d'élevage**

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

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

Selon la FAO, la biodiversité d'environ 35 espèces animales domestiquées destinées à être utilisées dans le domaine de l'agriculture et de la production alimentaire constitue le patrimoine biologique de base pour développer l'élevage, et elle est essentielle pour la sécurité alimentaire et le développement rural durable. La FAO utilise le terme « ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture » pour décrire des espèces de mammifères et d'oiseaux qui sont utilisés, ou ont le potentiel d'être utilisés pour l'agriculture et la production alimentaire.

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

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



Les animaux d'élevage actuellement exploités dans l'agriculture algérienne sont constitués par des ensembles assez hétérogènes qui occupent des écosystèmes très différents. Ils sont représentés par le bovin, l'ovin, le caprin et le dromadaire et en moindre importance l'équin pour le gros bétail. Ces ressources génétiques animales constituent la base biologique de la sécurité alimentaire et pour le développement économique (**Abdelguerfi et Ramdane., 2003**). Enfin, « la biodiversité nous fournit, par le biais des services écologiques, les conditions favorables à la vie sur la Terre, alors préservons-la » (**CNRS., 2010**)

## **2. 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. (**Belhrfi Fatima et al., 2023**)

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**).

## **3. 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. (**Belhrfi Fatima et al., 2023**)

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.

## **4. Méthodes de caractérisation des animaux d'élevage**

Conscients des rôles essentiels et de la valeur des ressources zoo génétiques pour l'alimentation et l'agriculture, notamment de leur contribution à la sécurité alimentaire pour



les générations actuelles et futures; ayant présentes à l'esprit les menaces que la perte et l'érosion de ces ressources font peser sur la sécurité alimentaire et la nécessité pour les communautés rurales de conserver leurs moyens de subsistance (FAO., 2007).

La caractérisation des ressources zoogénétiques englobe toutes les activités associées à l'identification, à la description qualitative et quantitative, et à la documentation des populations raciales, et des habitats naturels et des systèmes de productions auxquels elles sont, ou ne sont pas, adaptées (FAO., 2008).

**a) La méthode morphobiométrique**

La méthode morphobiométrique est une approche importante dans la caractérisation phénotypique des races animales. Elle consiste à étudier et à quantifier les caractéristiques externes et de production des différentes races dans un environnement spécifique, en tenant compte des facteurs socio-économiques qui peuvent les influencer. Cette méthode intègre également l'analyse de la répartition géographique des races, ce qui aide à mieux comprendre leur adaptation et leur distribution. (FAO., 2013)

Cependant, malgré son utilité, la caractérisation morphobiométrique peut parfois fournir des indications imprécises sur le patrimoine génétique des espèces, en raison de la complexité du mode de transmission héréditaire et des variations phénotypiques qui peuvent exister même au sein d'une même race. Par conséquent, d'autres approches complémentaires ont été développées pour mieux comprendre la génétique des animaux d'élevage.

Parmi ces approches figurent les méthodes biochimiques, cytogénétiques et moléculaires, qui permettent d'étudier les produits d'expression des gènes, tels que les protéines, les chromosomes et l'ADN.

Ces méthodes offrent une compréhension plus approfondie du patrimoine génétique des animaux, en permettant d'analyser directement les séquences d'ADN et d'identifier les marqueurs génétiques associés à certaines caractéristiques phénotypiques ou à des traits d'intérêt pour la sélection et le développement des races. En combinant ces différentes approches, les chercheurs peuvent obtenir une vision plus complète et précise de la diversité génétique et phénotypique des races animales, ce qui est essentiel pour orienter les programmes de sélection et de conservation des ressources zoo génétiques. (El-Bouyahiaoui\_Rachid., 2017)

**b) Méthodes immunogénétique ou biochimique**

L'étude du polymorphisme protéique permet la caractérisation des races animales. 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

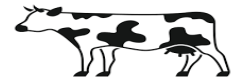
Chez les ovins et les bovins, on connaît respectivement 8 et 13 systèmes sanguins répartis sur plusieurs loci polymorphes (**Delacretaz-Wolff., 1997**). Cet auteur a étudié cinq races ovines suisses (Blanc des Alpes, Brun-noire du pays, Oxford, Nez noir du Valais et le mouton des Hauts-Grisons) pour 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 locus dans une dizaine d'espèces animales 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 laitière 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.

### ***b.1. Groupes sanguins***

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



les groupes sanguins sont analysés dans 9% des travaux concernés par cette étude (**Baumung et al., 2004**).

### ***b.2. Protéines du sang***

Cette technique est basée sur une migration différentielle des protéines à travers un gel sous l'effet d'un champ électrique. Les études de variantes protéiques ou allozymes (enzymes sériques, érythrocytaires et tissulaires) deviennent alors un outil standard pour l'investigation de la variation biochimique et fournissent le premier moyen non biaisé d'estimer la variabilité du génome (**in Berber., 2015**).

Ces marqueurs ont été et sont encore largement utilisés pour des études de génétique des populations. (**Grosclaude et al., 1990**) ont étudié 13 allozymes dont 11 loci des groupes sanguins afin d'analyser les relations génétiques entre 18 races bovines françaises. Cette étude a permis la distinction entre quatre sous-groupes de races cohérents avec les données historiques et géographiques. De même (**Randi et al., 1991**) ont utilisé la technique des allozymes pour préciser les relations évolutives entre différentes espèces animales d'élevage. En effet, 15% des études de caractérisation récentes, sont réalisés en utilisant des allozymes (**Baumung et al., 2004**). Seules les mutations qui entraînent un changement dans la charge de la protéine seront détectées, soit environ 8% des variations de l'ADN.

Cette technique est simple et il est possible de la mettre en œuvre en l'absence de toute connaissance génétique de l'espèce. Les limites sont le faible nombre de locus analysés (entre 20 et 50 locus, tous n'étant pas polymorphes), en plus, ils ne sont pas tous accessibles (**Rognon et Verrier., 2007**) et parfois, ça nécessite même le sacrifice de l'animal.

### ***c) Méthodes cytogénétiques***

La cytogénétique est une science qui permet d'étudier le nombre, la forme et les anomalies des chromosomes chez une espèce ou dans une population donnée. Elle s'est développée avec la détermination du nombre exacte ( $2n=46$ ) de chromosomes humains (**Tjio et Levan., 1956**).

Après, les études du caryotype se sont étendues à de nombreux mammifères (**Matthey., 1973**). Cependant, ce n'est qu'avec la mise au point des techniques de colorations et de marquages chromosomiques que la cytogénétique a connu un développement considérable (**Casperson et al., 1970; Dutrillaux et Lejeune., 1971; Seabright., 1971; Sumner et al., 1971**).

L'appariement des chromosomes homologues est devenu possible, ainsi que la classification selon des critères morphologiques pour chaque espèce. Ensuite, les techniques de marquages chromosomiques ont été développées et ont permis d'identifier avec précision les chromosomes et de détecter les anomalies structurales (**Dutrillaux., 1973; Popescu., 1990**).

### ***d) Méthodes moléculaires***

La caractérisation génétique moléculaire étudie le polymorphismes des molécules protéiques sélectionnées et des marqueurs d'ADN pour mesurer la variation génétique au





niveau de la population. Le niveau de polyphormismes observé dans les protéines étant faible et, par conséquent, l'applicabilité aux études sur la diversité étant limitée, les polyphormismes au niveau de l'ADN sont les marqueurs de choix pour la caractérisation génétique moléculaire. Le processus de caractérisation génétique moléculaire comprend l'échantillonnage sur le terrain du matériel biologique (souvent échantillons de sang ou de racines de poils), l'extraction au laboratoire de l'ADN des échantillons, le dosage en laboratoire (par ex. le génotypage ou le séquençage), l'analyse des données, la préparation des rapports et la maintenance d'une base de données d'informations génétiques moléculaires. L'échantillonnage pour l'analyse moléculaire peut s'associer aux enquêtes et/ou au suivi, car les seules informations moléculaires ne peuvent pas s'utiliser pour prendre les décisions sur l'utilisation et la conservation. La caractérisation génétique moléculaire s'entreprind principalement pour explorer la diversité génétique au sein et entre les populations animales, et déterminer les relations génétiques parmi ces populations (FAO., 2008).

Les marqueurs génétiques les plus communément utilisés sont de nature protéique ou enzymatique, les méthodes faisant directement appel à la structure de l'ADN pour la reconnaissance des génotypes (sondes moléculaires, polymorphisme des fragments de restriction) restent encore purement prospectives.

L'étude par électrophorèse de la variabilité des protéines totales ou des isoenzymes constitue sans doute la méthode de marquage génétique la plus fréquemment utilisée. S'agissant des isoenzymes (ou isozymes), deux définitions ont été données qu'il convient de rappeler : selon (Markert et Moller., 1959), ce sont des « formes moléculaires distinctes d'enzymes ayant une activité catalytique identique ou similaire » ; selon l'Union internationale des Biochimistes, ce sont des « forme multiple d'enzymes ayant entre elles des différences déterminées génétiquement dans leur structure primaires ». En électrophorèse unidimensionnelle sur gel, on caractérise chaque individu par la constitution génétique au locus qui code pour une enzyme donnée, d'après le nombre et la position des bandes de migration sur le gel (Arbez., 1988).

La notion de marqueur génétique a été introduite en 1980. Il s'agit d'une séquence d'ADN repérable spécifiquement. En cartographie génétique, le marqueur est utilisé pour "baliser" le génome. En contrôle du transfert de gène, le marqueur est un gène associé au gène d'intérêt, codant une caractéristique détectable facilement et précocement, facilitant le repérage des cellules au sein desquelles la transgénèse a réussi.

Un marqueur génétique est toute différence dans l'ADN, quelle que soit la façon dont il est détecté, dont le schéma de transmission de génération en génération peut être suivi. Chaque individu qui porte le marqueur porte également une longueur de chromosome de chaque côté, de sorte qu'il marque une région particulière du génome. Un gène mutant, ou une partie d'un gène mutant, peut servir de marqueur génétique. Dans l'approche «classique» de la génétique, c'est l'expression externe d'un gène (ou le manque d'expression) qui forme la base de l'analyse génétique. Dans l'analyse génétique moderne, toute différence de séquence d'ADN entre deux individus peut servir de marqueur génétique. Et si ces marqueurs génétiques sont souvent



inoffensifs en eux-mêmes, ils permettent de localiser les positions des gènes de la maladie et d'isoler leur ADN, d'identifier, et d'étudier.

Les marqueurs génétiques qui sont détectés par analyse directe de l'ADN sont souvent appelés marqueurs ADN. Les marqueurs ADN sont importants en génétique car ils servent de repères dans de longues molécules d'ADN, telles que celles trouvées dans les chromosomes.

Utiliser des marqueurs ADN comme repères, on peut identifier les positions des gènes normaux, des gènes mutants, des ruptures chromosomiques et d'autres caractéristiques importantes en analyse génétique. La détection des marqueurs ADN nécessite généralement que l'ADN génomique (l'ADN total extrait des cellules d'un organisme) soit fragmenté en morceaux de taille gérable (généralement quelques milliers de paires de nucléotides) qui peuvent être manipulés en laboratoire expériences.

Dans les sections suivantes, nous examinons certaines des principales manières dont l'ADN est manipulé pour révéler des différences génétiques entre les individus, que ces différences trouvent ou non une expression vers l'extérieur. L'utilisation de ces méthodes élargit le champ de la génétique, permettant de réaliser des analyses génétiques dans n'importe quel organisme. Cela signifie que l'analyse génétique détaillée ne se limite plus aux êtres humains, aux animaux domestiques, cultivés plantes et le nombre relativement restreint d'organismes modèles favorables aux études génétiques. L'étude directe de l'ADN élimine la nécessité d'une identification préalable des différences génétiques entre les individus; il élimine même le besoin de croisements contrôlés.

La détection d'un marqueur génétique peut s'effectuer par hybridation avec une sonde complémentaire, ou par son expression phénotypique. Les marqueurs peuvent être de différentes natures : STS, RFLP, microsatellites, SNP, EST, gènes ... Il existe aussi des marqueurs « anonymes » qui correspondent à des séquences non traduites (les variations alléliques de ces marqueurs ne sont pas décelables au niveau phénotypique mais au niveau de la séquence) [3]

#### ***d.1. Marqueurs de l'ADN mitochondrial***

Beaucoup d'études sur la diversité génétique se basent sur l'ADN mitochondrial .Celui-ci possède un avantage majeur par rapport à l'ADN nucléaire: il est transmis d'une génération à l'autre uniquement par la mère (mitochondries présentes dans le cytoplasme de l'oeuf) et limite la recombinaison génétique .Ainsi, contrairement aux séquences chromosomiques pouvant être affectées par les événements de recombinaison (crossing-over), la différence entre deux séquences d'ADNm peut être interprétée comme la conséquence de la mutation seulement.

Il a aussi été montré que le manque d'efficacité des mécanismes de réparation de l'ADNm, accélérât son évolution (mutation) comparée au reste du génome .Certaines séquences à l'intérieur de la région de contrôle (région non codante) de l'ADNm, évoluent encore plus rapidement et la large diversité génétique observée à ces séquences permet des études très



fin de phylogénie. Enfin, l'ADNm est facilement amplifié car les séquences d'initiations (« primer ») sont quasiment les mêmes pour toutes les espèces.

Certaines critiques ont toutefois été apportées à l'utilisation de cet ADN, vu la faible taille du génome mitochondrial, la fixation de mutations avantageuses dans les séquences codantes de l'ADNm pourrait influencer la fréquence des allèles des zones dites neutres par le phénomène d'auto-stop (« hitchhiking ») ou déséquilibre de liaison: situation dans laquelle deux allèles sont plus fréquemment associés que ne le voudrait le hasard. Des tests de neutralité ont permis de montrer que la distribution des mutations de l'ADNm n'était pas consistante avec celle attendue par rapport à un modèle neutre.

Il est également intéressant de noter que le rythme d'évolution de l'ADNm varie selon les groupes taxonomiques. (Martin et al., 1993) ont montré une forte corrélation entre la taille des organismes, leur physiologie et le taux de mutation de l'ADNm ; les rongeurs ont, par exemple, un taux de mutation plus élevé que les cétacés, et les poïkilothermes ont un taux de mutation plus faible que les homéothermes. (Martin et al., 1993) suggèrent un effet combiné du métabolisme et du temps de génération sur le taux de mutation de l'ADNm. Le taux de mutation de l'ADN mitochondrial chez les mammifères a été estimé à 5,7.10.8 par nucléotide et par génération (Kaeuffer., 2008).

#### ***d.2. Marqueurs du Polymorphisme de Longueur des Fragments de Restriction (RFLP)***

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

Cependant, ces marqueurs sont toujours utilisés et (Baumung et al., 2004) estiment que 17% des études utilisent ces marqueurs pour la caractérisation de races domestiques. La découverte d'enzymes de restriction bactériennes (endonucléase) a permis le développement de nouvelles techniques d'exploration de l'ADN, basées sur la coupure spécifique de séquences nucléiques par ces endonucléases (Bostein et al., 1980). A partir de cette approche, la technique appelée RFLP a été développée. Cette méthode est basée sur la digestion de l'ADN, une séparation par taille des fragments d'ADN sur gels d'électrophorèse et une visualisation de séquences spécifiques d'ADN en utilisant

#### ***d.3. Marqueurs d'Amplification Aléatoire d'ADN Polymorphe (RAPD)***

Un autre type de marqueur moléculaire RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), récemment développé repose sur la mise en évidence de polymorphisme généré par l'amplification aléatoire de fragments d'ADN grâce à des amorces dont les séquences ont été définies arbitrairement (Williams et al., 1990).



Cette méthode, couramment utilisée en cartographie génétique des plantes et en génétique des populations, génère des marqueurs dominants (**Pitel et Riquet., 2000**). (**Rincon et al., 2000**) ont utilisé cette technique pour l'étude de la variabilité génétique des races bovines créoles. Son principe repose sur l'utilisation d'amplification PCR d'amorces d'une dizaine de bases de séquence aléatoire et pouvant s'hybrider en plusieurs endroits du génome. (**Rao et al., 1996**) passent par l'approche des RAPD pour différencier génétiquement les espèces domestiques à l'échelle intra-spécifique. Néanmoins, des problèmes de reproductibilité et de transmission de ce type de marqueur ont limité son application chez les animaux (**Black ., 1993; Karp et al., 1996**).

#### ***d.4. Marqueurs du Polymorphisme de Longueur des Fragments Amplifiés (AFLP)***

Les AFLP (pour Amplified Fragment Length Polymorphism) sont des marqueurs moléculaires nucléaires bialléliques dominants qui mettent en évidence un polymorphisme de sites de restriction et un polymorphisme d'hybridation d'amorce arbitraire (**Vos et al., 1995**). Tout comme la technique utilisée pour les RAPD, celle des AFLP ne requiert aucune connaissance préalable du génome à étudier. Elle permet une mise au point rapide, présente une bonne reproductibilité et révèle un grand nombre de locus, régulièrement répartis sur le génome et très polymorphes (**Vos et al., 1995 ;Ajmone-Marsan et al., 1997**).

Son principe est basé sur la détection de bandes polymorphes entre individus dans un profil multi-bandes obtenu par digestion enzymatique puis amplifications PCR sélectives. Le produit final de ces amplifications est visualisé sur gel de polyacrylamide grâce aux extensions fluorescentes des amorces (**Pitel et Riquet., 2000**). des sondes marquées par radioactivité ou par des molécules fluorescentes. des amorces (**Pitel et Riquet., 2000**).

#### ***d.5. Marqueurs Minisatellite***

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

#### ***d.6. Marqueurs microsatellites***

Séquences d'ADN constituées de répétitions en tandem de motifs mono, di, tri ou tétranucléotides. Ils sont révélés par réaction de polymérisation en chaîne (Polymerase Chain Reaction, PCR) de l'ADN (**Tautz et Renz., 1984**). Les motifs les plus courants sont (A)<sub>n</sub>, (AT)<sub>n</sub>, (GA)<sub>n</sub>, (TAT)<sub>n</sub>et (GATA)<sub>n</sub> ...etc, la valeur de n pouvant aller de quelques unités à plusieurs dizaines. Selon (**Morgante et Olivieri., 1993**), de tels motifs sont très répandus dans



le génome des végétaux supérieurs et selon les premières estimations il y aurait en moyenne un microsatellite dinucléotidique tous les 30 à 100 kb. Du fait de leur présence dans les séquences codantes et non codantes du génome, deux types de microsatellites ont été décrits: dans le type I, les marqueurs sont localisés au sein de gènes de fonctions connus et sont utiles pour étudier l'évolution du génome (**Vignal et al., 2002**).

Le type II est sans fonction connue, très répandu et bien plus polymorphe que le type I. Outre leur distribution sur l'ensemble du génome, l'intérêt des microsatellites réside dans leur polymorphisme extrêmement élevé. Ce dernier est dû à des variations dans la longueur de la répétition. Le polymorphisme de longueur sur un locus montre souvent des dizaines d'allèles différents les uns des autres dans le nombre de répétitions (**Figure 23**).



**Figure 23:Le Polymorphisme De Longueur Pour Un Même Locus(Bautista -Salas,2009)**

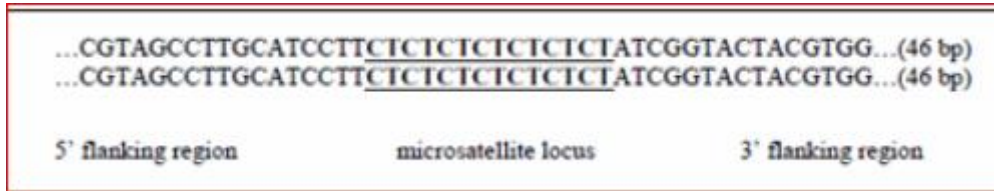
Ce polymorphisme est causé principalement par des erreurs de glissement de la polymérase lors de la réplication des chromosomes en plus des mécanismes évolutifs auxquels sont soumises les séquences d'ADN tels que les crossing-over asymétriques (**Santoni et al., 2000**).

Les microsatellites sont, par conséquent trop instables et fortement contre-sélectionnés. Effectivement, une estimation des taux de mutation des microsatellites chez l'homme et chez certains animaux (**Primmer et al. , 1996**) a été réalisée et montre que ces taux sont très élevés comparés aux taux de mutations des autres séquences d'ADN génomique, ce qui explique le fait que

Les microsatellites marquent essentiellement les régions non codantes du génome (**Jarne et al., 1996**). Selon (**Santoni et al., 2000**), un motif microsatellite donné n'est pas spécifique à un locus, tandis que les séquences le bordant le sont. Ainsi, une paire d'amorces oligonucléotidiques spécifiques de ces régions bordantes peut permettre via la PCR d'amplifier ce seul locus microsatellite. Autrement dit, le développement de marqueurs microsatellites se résumerait en la définition des amorces bordantes spécifiques.



Après la PCR, la taille des produits amplifiés est estimée par électrophorèse sur gel (d'agarose ou d'acrylamide) ou avec un séquenceur. Les microsatellites sont des marqueurs co-dominants, c'est-à-dire que nous pouvons distinguer les individus homozygotes de l'hétérozygote (**Figure 24 et 25**). Notez bien qu'il ne s'agit pas de séquences complémentaires d'un locus, mais de séquences de deux allèles d'un même locus, c'est à dire situées sur les deux chromosomes homologues.



**Figure 24: Un Microsatellite Homozygote (Mburu Et Hanotte, 2005)**



**Figure 25: Microsatellite Hétérozygote (Mburu Et Hanote, 2005°)**

#### ***d.7. Avantages et les inconvénients des marqueurs microsatellites***

Les microsatellites font partie des marqueurs moléculaires les plus puissants pour révéler le polymorphisme et sont, de ce fait, de plus en plus utilisés dans de nombreuses études, telles que la l'identification d'individus, les analyses phylogénétiques, la cartographie de QTL's, l'étude des flux de gènes...etc. Ce sont des marqueurs de choix par leur répartition sur l'ensemble du génome, leur spécificité de locus, leur codominance et leur polymorphisme très élevé. De plus, ils sont faciles à utiliser une fois leur mise au point effectuée (les protocoles sont en partie automatisés et sont basés sur la PCR). Ainsi, seules de petites quantités d'ADN sont nécessaires (**Mburu et Hanotte., 2005**). (**Cependant, Vigouroux et al., 2002, 2005**) ont démontré que certains SSR's notamment ceux appartenant aux régions codante, pouvaient ne pas être neutre, car ils peuvent être affectés par la sélection artificielle lorsqu'ils sont liés aux gène d'intérêt. Cela pourrait biaiser l'interprétation des études phylogénétiques. Cependant, ces marqueurs sont relativement bon marche et simples à mettre en œuvre comparativement aux autres.

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 (**Ollier et al., 2000**).



En effet, les potentialités des microsattellites 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 microsattellites et concernant différentes espèces montre que, parmi les systèmes disponibles à l'heure actuelle, les microsattellites 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.

#### ***d. 8. Marqueurs du Polymorphisme de simple nucléotide (SNP)***

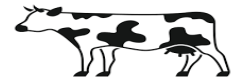
Les polymorphismes de nucléotide simple, mieux connus sous leur acronyme anglais SNP (pour « Single Nucleotide Polymorphism » et prononcé « snip ») constituent une autre catégorie de marqueurs polymorphes qui sont régulièrement utilisée pour les études de la diversité génétique. Ils correspondent à changements d'une seule base (A, G, T, C) au niveau de la séquence d'ADN en un locus donné

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

### **5. 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



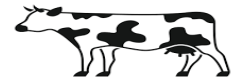
informatique et des outils bioinformatiques, il est maintenant examiné à un niveau complètement nouveau.

## **6. Bases de données génétiques et leur L'importance D'utilisation**

Les bases de données génétiques jouent un rôle crucial dans l'avancement de la recherche scientifique et la compréhension des complexités de la génétique. Ces bases de données servent de vastes référentiels d'informations génétiques, fournissant aux chercheurs des ressources précieuses pour explorer et analyser les données génétiques. L'importance des bases de données génétiques ne peut pas être surestimée, car elles permettent aux scientifiques de découvrir des schémas, d'identifier les mutations causant la maladie et de développer des thérapies ciblées. Du point de vue d'un chercheur, les bases de données génétiques offrent un outil inestimable pour étudier la base génétique des maladies, démêler les subtilités des modèles d'héritage et explorer l'impact des variations génétiques sur la santé humaine.

1. **Accélération de la recherche:** les bases de données génétiques ont révolutionné le rythme auquel la recherche peut être menée. En donnant accès à de grands ensembles de données englobant diverses populations, les chercheurs peuvent rapidement analyser les grandes quantités d'informations génétiques. Cela accélère le processus de découverte et permet aux scientifiques de faire des progrès importants dans leurs investigations. Par exemple, la base de données du cancer du génome (TCGA) a facilité de nombreuses percées dans la recherche sur le cancer en permettant aux scientifiques d'identifier les altérations génétiques clés associées à différents types de cancer.
2. **Améliorer la collaboration:** les bases de données génétiques favorisent la collaboration entre les chercheurs du monde entier. En centralisant les données génétiques de diverses études et institutions, ces bases de données créent un environnement collaboratif où les scientifiques peuvent partager les résultats, valider les résultats et s'appuyer sur le travail de chacun. Cette approche collaborative accélère les progrès et favorise une compréhension plus complète de la génétique. Le projet d'expression des tissus de génotype (GTEx) est un excellent exemple de la façon dont la collaboration à travers une base de données génétique a conduit à des progrès significatifs dans la compréhension de l'expression des gènes à travers différents tissus.
3. **Activation de la médecine de précision:** les bases de données génétiques contribuent à faire progresser les approches de médecine de précision. En analysant les données génomiques à grande échelle de diverses populations, les chercheurs peuvent identifier des variations génétiques spécifiques associées à la sensibilité à la maladie ou à la réponse au traitement. Ces connaissances permettent des plans de traitement personnalisés adaptés à la composition génétique unique d'un individu. La pharmacogénomique Knowledgebase (PharmGKB) est une base de données largement





utilisée qui fournit des informations sur la façon dont les variations génétiques influencent la réponse médicamenteuse, aidant au développement de stratégies de médecine personnalisées.

4. Soutenir le conseil génétique: les bases de données génétiques jouent également un rôle crucial dans le conseil génétique, aidant les individus et les familles à prendre des décisions éclairées sur leur santé. En accédant aux bases de données génétiques, les conseillers génétiques peuvent fournir des informations précises sur la probabilité d'hériter de certaines conditions génétiques, de risques potentiels de maladie et de mesures préventives disponibles. Ces bases de données permettent aux individus de faire des choix éclairés concernant la planification familiale et les décisions de soins de santé.

Les bases de données génétiques sont des outils indispensables pour les chercheurs, leur permettant d'accélérer la recherche, d'améliorer la collaboration, de faire avancer la médecine de précision et de soutenir les efforts de conseil génétique. Ces bases de données<sup>6</sup>

## Partie pratique

---

<sup>6</sup>[astercapital.com/fr/contenu/Base-de-donnees-genetique--CCDB--revolutionner-les-bases-de-donnees-genetiques-pour-la-recherche.html#l-importance-des-bases-de-donn-es-g-n-tiques-dans-la-recherche](https://astercapital.com/fr/contenu/Base-de-donnees-genetique--CCDB--revolutionner-les-bases-de-donnees-genetiques-pour-la-recherche.html#l-importance-des-bases-de-donn-es-g-n-tiques-dans-la-recherche)



## Matériel et méthode

### Base de donnée

Dans le but de analyser les données des races bovines et diagnostiquer la diversité génétique bovine en collaboration avec le projet RESGEN CT98-118 qui nous ont fournis leur base de données concernant le génotypage par 31 microsatellites de 5363 individus de différentes races bovines (chaque race avec une répétition allant de 4 à 189 têtes) répartie sur 76 pays a été constituée. Cette base de données a fait l'objet d'une étude sur l'analyse de la structure génétique des races bovines européennes et a été publiée dans l'article dans le Journal International Society for Animal Genetics, 37, 475–481) et (Marleen Felius et al 2011).

Les races ont été soumises à un génotypage pour 31 marqueurs microsatellites utilisés pour cette étude, ont été sélectionnés pour leur pertinence dans l'étude de la diversité génétique par la FAO ET (<http://www.projects.roslin.ac.uk/cdiv/markers.html>). L'ADN a été extrait à partir d'échantillons de sang provenant de laboratoires participant au projet RESGEN CT98-118, visant à élaborer une stratégie de conservation de la diversité génétique des bovins européens.

### La Zone Etude

L'étude a été menée sur des races bovines européennes localisées au niveau de 24 pays au total 5363 individus de différentes races bovines chaque race avec une répétition allant de 4 à 189 têtes (figure 26)

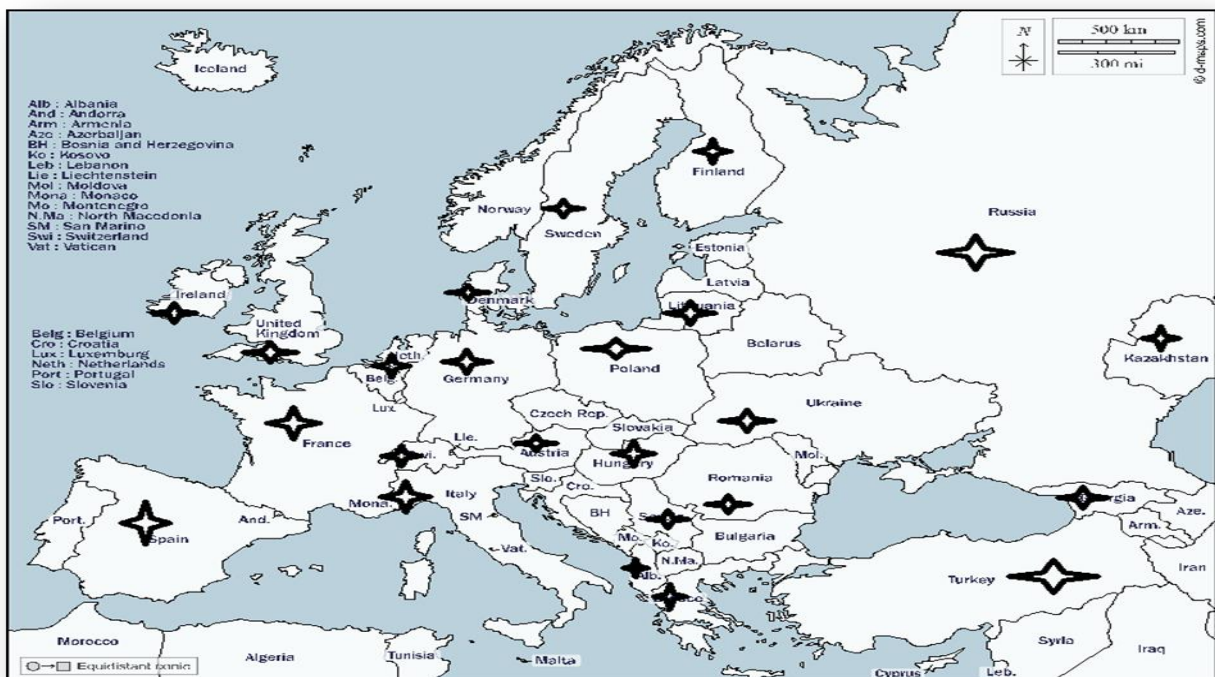


Figure 26: Carte des Sites Des échantillonnage En Europe Des Races Bovines étudiées.



## Matériel animal

L'étude a visé l'analyse des résultats de génotypage de 118 races bovines européennes, issus des résultats du projet RESGEN CT98-118, ces races sont principalement choisies pour leurs antécédents dans recherche. Les races ont été sélectionnées pour représenter différentes régions et types de races. Etant donné que ces races sont bien standardisé, on a voulu donc voir si des associations entre le polymorphisme des microsatellites génotypés et certain caractères zootechniques existent ; cela nous permettras de crée le cas échéant des outils important pour la sélection assisté par marqueurs (SAM). Pour ce faire , afin de pouvoir analyser le polymorphisme des races nous avons compilé la data existantes avec des caractères morpho métrique et zootechnique et morphométrie (07 caractères) (Tableau 03). Ces donnée de description morphologique été issus des articles et thèses descriptives des races.

- **Couleur**
- **Forme**
- **Profile**
- **Absence et présence de corne**
- **Intérêt**
- **Poids**
- **Hauteur de Garrot**

*Tableau 3;les caractères phénotypiques étudié*

Caractères	Modalités
Couleur	<p><b>Couleurs de base :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Rouge</li> <li>• Noire</li> <li>• Blanc</li> <li>• Brun</li> <li>• Grise</li> <li>• Marron</li> <li>• Jaune</li> </ul> <p><b>Motifs et Variations :</b></p> <p>1. <b>Unie :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Rouge unie</li> <li>○ Noire unie</li> <li>○ Blanc unie</li> <li>○ Brun unie</li> <li>○ Grise unie</li> <li>○ Marron unie</li> <li>○ Jaune unie</li> </ul>



	<p>2. <b>Pie :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Pie rouge</li> <li>○ Pie noire</li> <li>○ Pie blanc</li> <li>○ Pie grise</li> <li>○ Pie noir et blanc (tacheté)</li> <li>○ Pie rouge ou noir</li> </ul> <p>3. <b>Mouchetée :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Rouge moucheté</li> <li>○ Noire tachetée blanc</li> <li>○ Marron moucheté</li> </ul> <p>4. <b>Bringé :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Bringé</li> <li>○ Bringé rouge</li> <li>○ Bringé noir</li> </ul> <p>5. <b>Pommelé :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Rouge pommelé blanc</li> </ul> <p>6. <b>Froment :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Rouge Fromentino avec tache blanche</li> <li>○ Blanc pie Grise</li> <li>○ Blond-froment unie avec des nuances allant du blanc au roux</li> </ul> <p><b>Autres nuances et combinaisons :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Châtain avec des nuances</li> <li>• Blonde</li> <li>• Blanc et rouge</li> <li>• Acajou sombre</li> <li>• Rouge et blanc ou rouan</li> <li>• Rouge feu foncé (red angus) ou noire (black angus)</li> <li>• Rouge sombre</li> <li>• Rouge unie</li> <li>• Rouges et blancs sobres</li> <li>• Unie blanche</li> <li>• Unie blanche froment</li> <li>• Unie fauve, nuancée de brun et grise</li> <li>• Unie fauve-froment</li> <li>• Unie froment à brun</li> </ul>
Format	Bréviligne / longiligne/ médioligne
Profile	Ellipométrique/eumétrique/hypermetrique
Corne	Absence/ Présent
Intérêt	combat /laitières / mixte /viande
Poids	<p><b>Moins de 300 kg :</b></p> <p>225 kg/ 270 à 350 kg/ 300 kg</p> <p><b>300 à 400 kg :</b></p>



	<p>300 à 350 kg / 300 à 400 kg / 330 à 400 kg / 350 kg à 400 kg /370 à 380 kg /375 à 400 kg</p> <p><b>400 à 500 kg :</b></p> <p>400 kg à 450 kg /400 à 500 kg/ 400 à 700 kg/400 à 750 kg/ 420 à 720 kg  420 à 850 kg /440 à 600 kg /450 kg /450 à 600 kg /450 à 660 kg  450 à 700 kg /450 à 750 kg /455 à 750 kg /457 à 600 kg /475 à 600 kg  500 à 550 kg/ 500 à 600 kg/ 500 à 700 kg/ 500 à 900 kg /500 kg</p> <p><b>500 à 600 kg :</b></p> <p>500 à 550 kg /500 à 600 kg /500 à 700 kg/ 500 à 950 kg/ 544 kg 550 kg  550 à 600 kg /550 à 630 kg /550 à 850 kg /575 kg /580 kg  600 kg /600 à 650 kg /600 à 700 kg/600 à 800 kg/ 600 à 950 kg/ 600 kg  à 1000 kg /600 kg à 1050 kg /600 kg à 1100 kg/ 600 kg à 1500 kg  600 kg à 700 kg/ 600 kg à 1200 kg/ 600 kg à 800 kg/ 600 kg  à 1000 kg /600 kg à 1150 kg/ 600 à 770 kg/ 600 à 760 kg</p> <p><b>600 à 700 kg :</b></p> <p>600 kg à 700 kg/ 600 kg à 750 kg/ 600 kg à 900 kg/ 625 à 800 kg  650 à 800 kg /650 à 950 kg /660 kg /</p> <p><b>700 à 800 kg :</b></p> <p>700 kg /700 à 750 kg /700 à 800 kg/700 à 900 kg/ 700 à 1000 kg/  700 à 1100 kg /700 à 1200 kg/ 750 à 10000 kg/ 750 à 850 kg  750 kg/ 760 kg /770 kg /800 kg/ 800 à 900 kg/ 800 à  1150 kg /800 à 1200 kg/ 800 à 1000 kg/ 800 à 1050 kg/  800 à 1100 kg</p> <p><b>800 à 900 kg :</b></p> <p>850 à 900 kg/ 850 kg/ 900 à 1000 kg/ 900 à 1100 kg /900  kg à 1100 kg /900 à 1000 kg/ 900 à 1200 kg/ 900 à 1500 kg  950 kg /950 kg à 1000 kg</p> <p><b>Plus de 900 kg :</b> 1000 kg à 10000 kg</p>
Hauteur de garrot	<ul style="list-style-type: none"> <li>1,30 1,40 cm 1,60 cm 1,30-1,38 cm 1,35 cm 1,40cm</li> <li>1,35 cm 1,40 m 1,40 à 1.70cm 1,52 cm</li> <li>1,60 à 1,70 cm 0,92 à 1,07 cm 1,10 à 1,20 cm</li> </ul>



	1,10 A 1,25cm	1,10 cm	1,10 et 1,12 cm	1,13
	1,14 a 1,22cm	1,15 - 1,25 cm	1,16a 1,28 cm	1,17 a 1,27cm
	1,18 cm 1,25cm	1,18a 1,35cm	1,20 à 1,25 cm	1,20 et
	1,30 cm 1,23-1,40cm	1,23a 1,28cm	1,25 à 1,32cm	1,25-1,27 cm
	1,25a 1,40cm	1,26 cm 1,33cm	1,27a 1,37cm	1,28
	cm 1,38cm	1,28 à 1,30 cm	1,29cm 1,37cm	1,30 a 1,40
	cm 1,30 a 1,40 cm	1,30 à 1,65 m	1,30 cm	1,30 à
	1,40 cm	1,30 cm	1,30 cm	1,30 cm 1,35cm
	1,30 cm a 1,35 cm	1,30 cm 1,40cm	1,30 m a 1,35 m ;	
	1,30 m 1,35cm	1,30-1,35 cm	1,30-1,40 cm	1,31a 1,43cm
	1,32a 1,42cm	1,32a 1,45cm	1,35 - 1,40cm	1,35 - 1,45 cm
	1,35 à 1,48 cm	1,35 à 1,50 cm	1,35 a 1,45 cm	
	1,35 cm 1,45cm	1,35 à 1,50 cm	1,35 à 1,50 cm	
	1,35 cm 1,45cm	1,35 m 1,40cm	1,35-1,40	cm
	1,35a 1,45 m	1,35cm	1,38 cm 1,45	1,38 cm 1,47cm
	1,39a 1,44cm	1,40 et 1,30 cm	1,40 et 1,45 cm	1,40 m
	1,40 à 1,45cm	1,40 à 1,50 cm	1,40 m 1,44 à 1,47	1,44 a
	1,47 1,44 à 1,47	1,44 a 1,47	1,44a 1,55cm	1,44cm 1,45 à
	1,65 cm	1,45 A 1,60 cm	1,45 a 1,40m	1,45 cm 1,50cm
	1,45-1,65 cm	1,45cm	1,47a 1,63cm	1,49cm 1,50 -
	1,58 cm	1,50 à 1,60cm	1,50 cm	1,54 cm 1,55 a 1,65cm
	1,60 a 1,65cm	1,60cm	1,20a 1,40cm	1,44 a 1,55cm
	1,30 cm	1,50cm		

### Microsatellites

Le choix des microsatellites était défait par le projet RESGEN CT98-118 qui ont partager avec notre laboratoire (Applied genetics in agriculture, ecology and public health) une base de donnée de 31 microsatellites qui était sélectionnés en fonction, de leurs caractéristiques techniques (bonne aptitude à l'amplification et interprétation aisée des typages), et d'autre part, de leurs caractéristiques génétiques (degré de polymorphisme = nombre d'allèles, localisation et répartition dans le génome). Afin de bien connaître les microsatellite nous avons fait une recherche bibliographique afin de déterminer leur position chromosomique Température d'hybridation et la couleur de Fluorophores (tableau04)

**Tableau 4: caractéristique principale des microsatellites sélectionné**

. Locus	N° Ch	T° hybri	Fluorophores	Référence
CSSM60	10	°C		M. M. A. MOUSSA et al. 2019
HEL1	XI 1	56°C	HEX	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
INRA63	18	56°C	HEX	D vaiman et al 1993
BM1824		61°C	ATTO550	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
ETH152	5	60°C	FAM	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
HAUT27		54°C	HEX	M. M. A. MOUSSA et al. 2019



INRA05		54°C	FAM	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
BM1818	23	60°C	HEX	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
ETH3		63°C	FAM	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
HEL9		56°C	ATTO550	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
INRA37	10			D vaiman et al 1993
TGLA53		55°C	HEX	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
HAUT24	22	53°C	HEX	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
HEL5	1	54°C	FAM	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
INRA032	11	56°C	ATTO550	D vaiman et al 1993
SPS115	15	61°C	FAM	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
ETH185		65°C	ATTO550	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
HEL13		54°C	HEX	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
ILSTS05		56°C	FAM	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
INRA035	16	60°C	FAM	Dvaiman et al 1993
TGLA126		54°C	HEX	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
BM2113		63°C	FAM	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
ETH10	10	61°C	FAM	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
ETH225	5	63°C	ATTO550	D vaiman et al 1993
INRA023	3	58°C	ATTO550	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
TGLA122	22	58°C	HEX	M. M. A. MOUSSA et al. 2019
ILSTS6				
MM12	12			
ETH185				
TGLA227	18			
CSSM66				
<b>Hex : Hexachlorofluoresceine : FAMFAM - 6-carboxyfluorescéine :Cdegre</b>				

## Des Gènes Spécifiques Chez Les Bovins

Ce tableau présente une liste de gènes spécifiques chez les bovins, chacun avec une brève description de leur fonction biologique ou de leur rôle dans les caractéristiques économiquement importantes telles que la production laitière, la composition de la viande, et la condition des cornes. La position chromosomique fournie permet de localiser ces gènes dans le génome bovin, ce qui est crucial pour comprendre leur héritabilité et leur potentiel dans les programmes de sélection génétique et d'amélioration des traits chez le bétail.

**Tableau 5 : une liste de gènes spécifiques chez les bovins**

<b>Gene</b>	<b>Description</b>	<b>Positon</b>
PRL (Prolactine)	Impliqué dans la production de lait chez les vaches laitières, la prolactine stimule la lactation	Chro5
MYF5 (Myogenic Factor 5)	Joue un rôle dans le développement des muscles, influençant ainsi la composition de la viande	Chro5



IGF1 (Insulin-like Growth Factor 1)	: Régule la croissance et le développement, ainsi que la production laitière.	Chro5
gene x	x influence production laitière	Chro X
Gene polled	de crone	Chro 1
DGAT1 (Diacylglycerol O-Acyltransferase 1) :	Ce gène influence la teneur en matières grasses du lait et est lié à la quantité de lait produite.	Chro14
FASN (Fatty Acid Synthase) :	Impliqué dans la synthèse des acides gras, ce qui affecte la composition en matières grasses du lait et la qualité de la viande	Chro19

### Méthodes D'analyse Statistique Et Les Logiciel

L'étude de la diversité génétique chez les espèces animales domestiques nécessite des approches statistiques spécifiques, soutenues par des programmes informatiques spécialisés. Grâce aux avancées en bioinformatique et en génétique des populations, tous d'abord nous avons commencé notre travail par l'organisation des données et la codification pour pouvoir exploité statistiquement ceci était faire a l'aide de Microsoft Excel, par suite plusieurs logiciels était utilisés (le tableau6) chacun réalisant des tests spécifiques dont les détails

**Tableau 6 :liste des logiciels bioinformatique utilisées dans les analyses statistique**

Type de logiciel	Site web	Calcule	Références
GenAIEx 6.5	<a href="http://biology-assets.anu.edu.au/GenAIEx/Welcome.html">http://biology-assets.anu.edu.au/GenAIEx/Welcome.html</a>	Diversité et la divergence génétiques. Test d'équilibre d'Hardy-Weinberg et les déséquilibres de liaison.	Peakall and Smouse (2006, 2012)
Popgene 1.32	<a href="https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html">https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html</a>	Analyse de la variation génétique entre et à l'intérieur des populations naturelles en utilisant des marqueurs Co dominants et dominants et des traits quantitatifs	Yeh et al. (1997)
GENEPOP	<a href="http://ftp.cefe.cnrs.fr/PC/MSDOS/GENEPOP">http://ftp.cefe.cnrs.fr/PC/MSDOS/GENEPOP</a>	déséquilibres de liaison	Raymond et Rousset, 1995)
Cervus 3.0.3	<a href="http://www.fieldgenetics.com/pages/home.jsp">http://www.fieldgenetics.com/pages/home.jsp</a>	Analyse de la fréquence de l'allèle : Les tests de parenté utilisant la vraisemblance nécessitent des fréquences alléliques. Simulation et analyse des parents	Marshall, (2006) ; Kalinowski et al. (2007)
Dendroscope	<a href="http://dendroscope.org/">http://dendroscope.org/</a>	Est conçu pour visualiser des	Huson and





3		arbres phylogénétiques de toutes tailles Et peut être utilisé pour une variété d'analyse des ensembles de données moléculaires	Scornavacca, (2012)
Fstat 2.9.3	<a href="http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm">http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm</a>	Programme complet sur les indices en génétique des populations pour évaluer la diversité et la divergence génétiques. (Wright's F-statistics ( $F_{IT}$ , $F_{IS}$ , $F_{ST}$ ))	Goudet, (2001)
Arlequin 3.5.2.2	<a href="http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35/Arlequin35.html">http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35/Arlequin35.html</a>	Les analyses des données intra-population (informations statistiques sont extraites indépendamment de chaque population) et inter-population (les échantillons sont comparés les uns aux autres).	Excoffier et Lischer (2010)
Genetix 4.05	<a href="http://www.univmontp2.fr/genetix/genetix/">http://www.univmontp2.fr/genetix/genetix/</a>	Programme complet sur les indices en génétique des populations pour évaluer la diversité et la divergence génétiques (Analyse Factorielle Correspondant-AFC)	Belkhir et al. (2000)
FreeNA	<a href="http://www1.montpellier.inra.fr/CBGP/software/FreeNA/">http://www1.montpellier.inra.fr/CBGP/software/FreeNA/</a>	Détecte les allèles nuls au sein de marqueurs microsatellites.	Chapuis et Estoup, 2007
Phylip 3.696	<a href="http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html/">http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html/</a>	Calculs de distances génétiques entre populations, construction d'arbres phylogénétiques (UPGMA / Neighbor Joining) à partir de matrices de distances.	Felsenstein. (1989)
Structure 2.3.4	<a href="http://pritch.bsd.uchicago.edu/software/structure_2_1.html">http://pritch.bsd.uchicago.edu/software/structure_2_1.html</a>	Identifie des groupes et assigne les individus aux groupes les plus probables	Pritchard et al. (2000); Falush et al. (2007); Hubisz et al. (2009)
Structure Harvester 0.6.94	<a href="http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/">http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/</a>	Le programme fournit un moyen rapide d'évaluer et de visualiser les valeurs de vraisemblance à travers de multiples valeurs de K et des centaines d'itérations pour faciliter la détection du nombre de groupes génétiques qui correspondent le mieux aux données.	Earl and vonHoldt (2012)



## **L'analyse des données par marqueurs microsatellites**

On a utilisé GenAIEx 6.5 (New Brunswick, NJ) pour effectuer les statistiques des résultats moléculaires (Peakall et Smouse 2006, 2012). Nous avons étudié le nombre moyen d'allèles (MNA) ; le nombre d'allèles ( $N_a$ ); les allèles efficaces ( $N_e$ ); l'indice d'informations (I); les allèles LComm ( $\leq 25\%$ ) et ( $\leq 50\%$ ) ; la hétérozygotie observée ( $H_o$ ); la hétérozygotie attendue ( $H_e$ ); la hétérozygotie attendue impartiale ( $uH_e$ ); l'indice de fixation (Fis) et le nombre de locus en dehors du HWE ( $p < 0,05$ ) (F), également appelé classement de la diversité globale de toutes les populations bovines. La matrice de population par paires a été créée en utilisant la distance génétique Nei, la valeur  $F_{st}$  et la variance moléculaire (AMOVA) ainsi que les informations de Shannon (sH), nous avons obtenu la matrice de population par paires afin de définir la diversité globale de toutes les populations bovines.

Pour analyser le nombre d'allèles, l'hétérozygotie observée et attendue (corrigée du biais d'échantillonnage) et le contenu d'information polymorphe (PIC), on a utilisé le logiciel Cervus v. 3.0.3 (Marshall, 1998). Raymond et Rousset (1995) ont employé le logiciel Genepop v.4 pour effectuer le calcul du test précis de déséquilibre de liaison entre les marqueurs. Selon Reynolds et al. (1983), les distances génétiques Reynolds (DR) ont été calculées en utilisant Populations v 1.2.32 (Langella, 1999) et les dendrogrammes ont été élaborés en utilisant l'algorithme de jonction de voisins. On a élaboré la topologie arborescente en utilisant Populations v 1.2.32, et on a évalué la fiabilité de chaque nœud en utilisant 1000 échantillons de données. L'outil fegtree view 1.6.6 (Page, 1996) a été développé pour les arbre

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

Deux éléments sont utilisés pour analyser la variabilité des populations animales.: la variabilité intra-population et la variabilité inter-population. Ces deux niveaux qui se complètent. L'étude des informations du génotypage des marqueurs microsatellites requiert une méthode statistique spécifique. Cette méthode vise à définir, à étudier la structure et la proximité génétique des populations bovines étudiées.

D'une part, une première analyse statistique a permis de comprendre la différence entre les populations étudiées et l'équilibre d'Hardy-Weinberg (EHW), ainsi que la structure et la variabilité génétique des populations. En revanche, il est possible de réaliser des calculs de "distances génétiques" en utilisant les arbres phylogénétiques correspondants. L'utilisation de l'algorithme utilisant des méthodes de clustering bayésiennes consiste à attribuer les individus à un ou plusieurs groupes appelés "clusters".

Dans le cadre de cette étude, 108 races bovines ont été caractérisées génétiquement et leur proximité génétique a été recherchée en utilisant les différents paramètres calculés pour les 31 microsatellites étudiés. Ces éléments sont :



L'hypothèse de Hardy-Weinberg fournit un cadre théorique crucial pour étudier la génétique des populations.

**Critères Hypothèses de Hardy-Weinberg :**

- Population de taille infinie.
- Individus diploïdes.
- Absence de mutations.
- Absence de migrations.
- Absence de sélection (neutralité).
- Reproduction sexuée avec rencontre aléatoire des gamètes (panmixie).
- Pas de chevauchement de générations.
- **Loi de Hardy-Weinberg :**
  - Dans une population diploïde isolée d'effectif illimité non soumise à la sélection et sans mutation, les fréquences alléliques et géniques restent constantes d'une génération à l'autre.
- **Test de conformité à l'équilibre de Hardy-Weinberg :**
  - Test de l'hypothèse nulle  $H_0$  : équilibre de Hardy-Weinberg ( $FIS = 0$ ).
  - Hypothèses alternatives  $H_1$  :  $FIS$  significativement  $> 0$  ou  $< 0$ .
  - Interprétation des résultats par rapport à un seuil de signification (typiquement 5%).
- **Estimation des fréquences alléliques :**
  - Calcul des fréquences alléliques à partir des génotypes observés.
  - Utilisation de différents logiciels pour l'analyse statistique, tels que GenAEx.
- **Analyse de la diversité intra-population :**
  - Taux de polymorphisme des marqueurs microsatellites
  - Évaluation de la richesse allélique, des fréquences alléliques, et des taux d'hétérozygotie, Indice de fixation..
  - Calcul du nombre efficace d'allèles pour mesurer la variabilité dans la population.
- **Analyse de la diversité inter-populations :**
  - Paramètres de différenciation des populations
  - Utilisation de statistiques comme les indices de Nei et de Wright pour mesurer la différenciation génétique entre les populations.
  - Calcul du flux des gènes pour évaluer le taux d'échange génétique entre les populations.
- **Construction des dendrogrammes :**
  - Utilisation de méthodes comme UPGMA et Neighbor-Joining pour représenter graphiquement les similitudes entre les populations.
- **Analyse factorielle des correspondances (AFC) :**
  - Projection des individus dans un espace multidimensionnel pour évaluer leur proximité génétique.
- **Méthodes de clustering :**
  - Utilisation d'algorithmes basés sur des méthodes bayésiennes pour identifier les sous-populations génétiquement distinctes.
- **Méthodes d'affectation des individus à une population :**



- Utilisation de logiciels comme GeneClass2 pour attribuer les individus à des populations en fonction de leurs génotypes.

Ces méthodes et techniques permettent d'approfondir notre compréhension de la structure génétique des populations et de leur évolution.

## **Des déséquilibres de liaison**

Est un déséquilibre de phase gamétique, est une mesure de l'association non aléatoire entre les allèles situés à des locus différents dans une population. C'est un concept clé en génétique des populations car il fournit des informations sur l'histoire évolutive et les processus génétiques en jeu.

### **Mécanismes à l'origine du déséquilibre de liaison**

Plusieurs mécanismes peuvent expliquer le déséquilibre de liaison :

**Mélanges de populations** : Lorsque des populations distinctes se mélangent, les allèles associés à différents locus peuvent se retrouver dans des proportions non aléatoires.

**Dérive génétique et effet fondateur** : La dérive génétique, qui correspond à la fluctuation aléatoire des fréquences alléliques au fil des générations dans une population réduite, ainsi que les effets fondateurs, où une nouvelle population est établie par un petit nombre d'individus, peuvent créer des déséquilibres de liaison.

**Sélection naturelle** : Lorsque certains allèles confèrent un avantage sélectif, ils peuvent être associés à d'autres allèles à des locus différents, conduisant à un déséquilibre de liaison.

### **Méthodes pour détecter le déséquilibre de liaison**

Dans la recherche génétique des populations, le déséquilibre de liaison est souvent évalué à l'aide de tests statistiques sur des tableaux de contingence, qui montrent les fréquences conjointes des différents allèles aux deux locus étudiés. Voici les points clés de la méthodologie décrite :

**Test exact de Fisher** : Ce test statistique est utilisé pour déterminer si le déséquilibre de liaison entre deux locus est significatif par rapport à ce qui serait attendu par hasard. Il est particulièrement adapté lorsque les échantillons sont petits ou lorsque les conditions pour utiliser le test du  $\chi^2$  ne sont pas remplies calculez par le logiciel GENPOP version 4.0(Raymond et Rousset, 1995).

**Correction de Bonferroni** : Étant donné que plusieurs tests peuvent être effectués (un pour chaque paire de locus), une correction statistique est appliquée pour contrôler le risque d'erreur de type I (faux positifs) due aux comparaisons multiples. La correction de Bonferroni ajuste le seuil de signification en fonction du nombre de tests effectués, assurant ainsi une interprétation plus rigoureuse des résultats(Rice, 1989).



## **Résultats et discussions**



## Résultat

### Analyse de base de données selon la race

à l'aide de 31 microsatellites SSR (Single sequence repeat) pour 107 race des bovin, cette description génétique nous a permis d'estimer la variabilité et la diversité génétique

Le tableau 6 présente les paramètres génétiques des marqueurs étudié ; La taille des SSR varie entre 49-1199 selon les amorces. Au totale 1106 allèles ont été observé chez les 5363 individus ; les microsatellites ont HEL9 , ILSTS6, HAUT24 et HAUT27 présenté le plus d'allèles par locus, en revanche microsatellites a ETH10 INRA35 ,CSRM60 , BM1824 ont montré le nombre le plus bas d'allèle.

Tableau 7 : paramètres génétiques pour chaque locus étudiés pour race

SSR	TAILL PB	NO ALLELE	HT	HO	HE	FIS	FIT	FST	NM	PIC	HWS
INRA23	95/225	27	0,826	0,723	0,741	0,024	0,125	0,104	2,161	0.895	NS
HEL9	141/242	51	0,785	0,689	0,707	0,026	0,122	0,099	2,285	0.865	***
CSSM66	171/209	24	0,857	0,742	0,761	0,025	0,134	0,111	1,995	0.896	NS
ETH3	103/154	43	0,750	0,657	0,674	0,025	0,125	0,102	2,194	0.847	***
INRA37	110/150	30	0,726	0,593	0,645	0,081	0,183	0,111	1,998	0.856	***
MM12	101/190	26	0,786	0,701	0,707	0,009	0,108	0,100	2,245	0.891	***
ETH185	212/341	47	0,805	0,686	0,713	0,038	0,148	0,114	1,937	0.759	***
TGLA227	59/107	38	0,880	0,787	0,805	0,022	0,106	0,086	2,667	0.874	NS
TGLA122	99/184	32	0,802	0,699	0,723	0,034	0,128	0,098	2,304	0.890	***
TGLA53	121/191	32	0,883	0,734	0,797	0,079	0,169	0,097	2,314	0.876	***
INRA63	157/189	22	0,650	0,551	0,576	0,043	0,152	0,114	1,935	0.866	***
INRA5	96/177	41	0,640	0,558	0,578	0,035	0,128	0,096	2,344	0.801	***
ETH225	107/159	39	0,792	0,688	0,717	0,039	0,131	0,095	2,371	0.780	***
ILSTS5	147/351	43	0,463	0,388	0,407	0,047	0,162	0,121	1,823	0.853	NS
HEL5	141/209	45	0,810	0,668	0,702	0,049	0,176	0,134	1,619	0.873	***
HEL1	91/167	22	0,736	0,618	0,648	0,046	0,160	0,120	1,839	0.787	***
INRA35	49/124	20	0,458	0,254	0,410	0,379	0,445	0,106	2,114	0.819	***
ETH152	104/1199	49	0,744	0,649	0,677	0,042	0,128	0,090	2,516	0.783	***
ETH10	128/299	20	0,756	0,608	0,643	0,054	0,196	0,150	1,422	0.843	***
INRA32	152/204	25	0,712	0,597	0,620	0,038	0,162	0,129	1,692	0.829	***
BM2113	122/156	27	0,867	0,752	0,770	0,024	0,132	0,111	1,996	0.857	***
BM1824	89/197	21	0,765	0,670	0,681	0,016	0,124	0,109	2,037	0.882	***
HEL13	138/294	46	0,644	0,520	0,558	0,067	0,192	0,134	1,613	0.789	*
BM1818	248/361	45	0,711	0,609	0,650	0,063	0,144	0,087	2,636	0.883	***
ILSTS6	260/498	52	0,813	0,694	0,727	0,045	0,146	0,107	2,096	0.844	***
CSRM60	79/295	21	0,767	0,649	0,680	0,045	0,154	0,114	1,936	0.861	***
ETH185	140/340	46	0,804	0,665	0,710	0,064	0,173	0,116	1,898	0.830	***
HAUT24	102/202	49	0,814	0,706	0,729	0,031	0,133	0,105	2,129	0.865	***
HAUT27	120/192	48	0,784	0,633	0,699	0,094	0,193	0,109	2,044	0.835	***
TGLA126	87/133	35	0,727	0,633	0,658	0,038	0,130	0,096	2,355	0.861	***
SPS115	219/293	40	0,638	0,553	0,572	0,034	0,134	0,103	2,173	0.699	***



<b>MEAN</b>	/	/	/	/	/	<b>0,053</b>	<b>0,156</b>	<b>0,109</b>	<b>2,087</b>		
<b>SE</b>	/	/	/	/	/	<b>0,011</b>	<b>0,011</b>	<b>0,003</b>	<b>0,052</b>		

*Pb : paire de base/ No : nombre d'allèles/ PIC : contenu information du polymorphisme/ Ho : Hétérozygotie observée/ He : Hétérozygotie attendue/ FIS, FIT, FST : - paramètre de structuration de la diversité génétique / Nm : flux génétique estimé pour  $Nm = 0,25 (1 - FST)/FST$  (Nei. 1987) par logiciel Popgene (Yeh et al, 1997).*

### Taille de locus

La taille de la plupart des locus est dispersé présent un intervalle plus ouvert par rapport d'autre locus qui une petit taille(ETH225)

### 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

### Hétérozygotie observée (HO) et attendue (HE) ET HT:

#### Taux d'hétérozygotie observé (Ho)

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

- Nous observée que Ho est varié entre 0,254-0,787 INRA35et TGLA227

#### Taux d'hétérozygotie attendue He

- L'hétérozygotie attendue He varie entre 0,410 à 0,805 au locus INRA35etTGLA227respectivement
- la diversité totale des gènes (HT) de Nei varie entre 0,458 (INRA35) et0,883 (TGLA53) avec un moyen total de

### F statistiques de Wright

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

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,



- Le déficit d'hétérozygotie à l'intérieur des populations ( $F_{is}$ ) est en moyen de 0,053 pour l'ensemble des loci ; il varie entre 0,016 (BM1824) et 0,094 (HAUT27)
- La valeur  $F_{IT}$  représente le déficit global en hétérozygoties dans les populations. Elle varie entre 0,106 pour 8 TGLA227 et 0,445 pour INRA35, avec une moyenne de 0,156 pour tous les loci.
- La moyenne de l'indice de fixation de chaque population ( $F_{ST}$ ) est de 0,109, variant de 0,086 pour TGLA227 à 0,150 pour ETH10

• **Nm : flux génétique**

Les valeurs du flux génique ( $Nm$ ) entre paires de populations ont en effet révélés l'existence d'importants échanges alléliques entre locus . Le flux génique est d'autant plus important que les populations sont faiblement différenciées Dans ce cas NEI estimé de moyenne 2,087

• **Taux de polymorphisme**

Le PIC est un indice idéal pour mesurer le polymorphisme des marqueurs. Selon Botstein et al. (1980), un PIC supérieur à 0,50 indique un locus très informatif, un PIC compris entre 0,50 et 0,25 indique un locus moyennement informatif, et un PIC inférieur à 0,25 indique un locus peu informatif. Dans notre étude Les valeurs de contenu d'information de polymorphisme (PIC) de cet InDel parmi les marqueur étudiées variaient de 0.699 à 0.895 L'InDel était un PIC modéré dans locus INRA23 et le plus bas SPS115

En conclusion, les résultats indiquent que les locus HEL9 , ILSTS6, HAUT24 et HAUT27 avait présentent nombre allélique très élevé on se disent qui sont plus informative par rapport a autre

**Tableau 8 : paramètres génétiques pour chaque race des bovins**

Pop	N	Na	Ne	I	Ho	He	UHe	F
Borgou	49,710	8,419	4,14 8	1,58 3	0,65 2	0,71 3	0,72 1	0,09 2
Lagunaire	50,710	4,839	2,41 8	0,99 7	0,47 9	0,53 2	0,53 7	0,11 0
N'Dama	29,710	12,54 8	3,99 7	1,72 2	0,59 3	0,70 6	0,71 8	0,16 7
Somba	49,419	6,452	2,96 3	1,24 5	0,54 7	0,60 7	0,61 3	0,11 2
Pelu Zebu	47,484	7,742	3,84 6	1,52 5	0,61 4	0,70 3	0,71 1	0,13 0
Angeln: DEANG,DEANSA,DEANSM,DEANHE,DE ANRW	170,87 1	9,000	3,88 2	1,53 2	0,64 4	0,71 0	0,71 2	0,09 4
Belgian Blue	47,710	6,935	3,81 7	1,45 8	0,64 5	0,69 7	0,70 4	0,08 1
Gray Gacko Busa	40,194	7,129	3,78 5	1,47 2	0,63 4	0,69 9	0,70 8	0,09 2
Busa: ALILB, ALIMB, KORMB, MABUS	140,19 4	11,06 5	4,58 0	1,72 2	0,66 9	0,75 6	0,75 9	0,11 7





<i>Byelorussian Red</i>	18,258	5,774	3,44 5	1,38 0	0,67 6	0,67 6	0,69 6	0,00 8
<i>Eringer</i>	49,000	5,774	3,01 8	1,23 7	0,58 4	0,62 2	0,62 8	0,06 7
<i>Evolene</i>	14,903	4,613	2,99 7	1,19 7	0,62 1	0,62 7	0,64 9	0,02 3
<i>Simmental</i>	49,839	5,419	2,76 0	1,16 0	0,53 8	0,59 3	0,59 9	0,09 8
<i>Istrian</i>	43,742	7,226	3,94 9	1,51 5	0,69 0	0,71 1	0,72 0	0,03 9
<i>German Galloway</i>	47,548	5,581	2,97 0	1,21 5	0,56 1	0,61 7	0,62 4	0,08 5
<i>Hinterwaelder</i>	29,355	5,677	3,19 5	1,28 4	0,58 3	0,64 4	0,65 5	0,08 2
<i>Murnau-Werdenfelser</i>	51,613	5,935	3,64 8	1,36 1	0,68 0	0,67 0	0,67 6	- 0,01 1
<i>Red Holstein dairy type</i>	49,516	6,935	3,84 1	1,46 3	0,67 4	0,70 2	0,70 9	0,03 6
<i>German Yellow</i>	94,548	7,032	3,38 1	1,38 2	0,62 8	0,66 3	0,66 7	0,05 3
<i>Island breed</i>	41,194	5,484	2,78 7	1,18 0	0,55 1	0,60 5	0,61 3	0,08 9
<i>Red Danish</i>	31,323	4,710	2,71 0	1,12 5	0,57 3	0,60 1	0,61 1	0,05 2
<i>Jutland</i>	43,161	6,355	3,45 3	1,37 6	0,58 6	0,66 9	0,67 7	0,13 0
<i>Asturiana de la Montana</i>	50,000	6,613	3,80 4	1,44 8	0,65 9	0,69 6	0,70 3	0,05 1
<i>Asturiana de los Valles</i>	50,000	7,710	4,18 6	1,54 7	0,69 7	0,71 1	0,71 8	0,01 9
<i>Avilena Negro Iberica</i>	49,935	6,710	3,90 2	1,46 5	0,62 6	0,70 1	0,70 9	0,10 6
<i>Betizu locations</i>	20,71	5,581	3,52 8	1,37 6	0,61 3	0,68 3	0,70 0	0,10 1
<i>Berrenda en Negro</i>	48,516	7,484	4,14 2	1,53 1	0,65 4	0,71 0	0,71 8	0,08 7
<i>Berrenda en Colorado</i>	50,548	7,387	4,02 5	1,51 5	0,65 9	0,71 1	0,71 8	0,07 6
<i>Bruna de los Pirineds</i>	49,968	7,419	3,71 1	1,46 4	0,65 9	0,69 1	0,69 8	0,05 1
<i>Cardena</i>	13,742	5,935	3,88 2	1,44 7	0,68 5	0,70 3	0,73 0	0,03 9
<i>Casta Navarra</i>	49,290	6,774	3,53 1	1,40 9	0,67 8	0,68 5	0,69 2	0,01 1
<i>Monchina</i>	54,516	7,194	3,84 3	1,48 0	0,67 6	0,70 3	0,71 0	0,04 8
<i>Morucha</i>	49,871	7,032	3,91 0	1,49 6	0,66 7	0,71 1	0,71 8	0,06 0
<i>Pajuna</i>	44,613	7,032	3,80 3	1,47 4	0,67 4	0,70 2	0,71 0	0,04 5
<i>Pasiega</i>	46,065	6,032	3,53 3	1,35 4	0,65 3	0,66 7	0,67 4	0,03 1
<i>Pirenaica</i>	49,903	6,484	3,40 4	1,36 2	0,62 6	0,66 0	0,66 7	0,06 5
<i>Retinta</i>	49,935	7,065	4,04 6	1,50 6	0,64 9	0,71 5	0,72 2	0,09 6
<i>Rubia Gallega</i>	50,000	6,903	3,76 2	1,43 9	0,66 3	0,68 4	0,69 0	0,02 8



<i>Sayaguesa</i>	48,000	6,419	3,79 4	1,44 9	0,66 4	0,70 4	0,71 1	0,05 6
<i>Serrana de Teruel</i>	42,677	6,774	3,78 5	1,46 1	0,68 2	0,69 3	0,70 1	0,01 7
<i>Tora de Lidia</i>	39,968	5,387	2,89 1	1,17 5	0,52 9	0,59 5	0,60 3	0,10 7
<i>Tudanca</i>	49,871	6,516	3,62 8	1,38 6	0,63 1	0,66 8	0,67 5	0,05 4
<i>Eastern Finncattle</i>	31,000	6,774	3,79 3	1,49 9	0,60 7	0,71 6	0,72 7	0,15 7
<i>Finnish Holstein</i>	42,645	6,677	3,86 7	1,46 3	0,71 3	0,70 9	0,71 7	- 0,00 5
<i>Northern Finncattle</i>	25,871	5,516	3,47 0	1,35 0	0,66 0	0,67 6	0,69 0	0,04 0
<i>Western Finncattle</i>	39,935	6,516	3,82 2	1,45 6	0,65 8	0,70 4	0,71 2	0,06 7
<i>Aubrac</i>	49,613	7,129	3,51 4	1,39 8	0,59 6	0,65 8	0,66 4	0,09 6
<i>Bazadais</i>	45,839	4,871	2,69 3	1,12 0	0,59 8	0,59 0	0,59 6	- 0,00 7
<i>Blonde d'Aquitaine</i>	53,355	6,387	3,56 4	1,39 4	0,66 1	0,68 1	0,68 7	0,03 0
<i>Bretonne-Pie-Noire</i>	3,774	3,613	2,98 8	1,13 7	0,51 3	0,63 1	0,72 9	0,16 1
<i>Charolais</i>	50,903	6,806	3,75 4	1,42 4	0,67 6	0,68 4	0,69 1	0,01 5
<i>Gasconne</i>	49,355	7,161	3,68 3	1,46 2	0,61 4	0,69 1	0,69 8	0,10 9
<i>Limousin</i>	49,097	6,258	3,49 1	1,37 8	0,65 2	0,67 3	0,68 0	0,03 7
<i>Maine-Anjou</i>	45,774	6,452	2,93 0	1,24 3	0,60 6	0,61 0	0,61 6	0,00 4
<i>Montbéliard</i>	28,806	5,677	3,24 9	1,32 5	0,64 4	0,66 6	0,67 8	0,03 7
<i>Normand</i>	44,645	7,645	3,79 5	1,47 8	0,68 5	0,69 5	0,70 3	0,01 3
<i>Parthenaise</i>	35,323	6,323	3,73 3	1,43 1	0,66 4	0,69 7	0,70 7	0,05 1
<i>Salers</i>	48,935	6,839	3,10 0	1,29 2	0,54 1	0,61 9	0,62 5	0,13 0
<i>Tarentaise</i>	42,645	5,903	3,45 1	1,36 1	0,64 7	0,66 7	0,67 5	0,03 0
<i>Aberdeen Angus</i>	41,129	5,258	2,96 0	1,20 2	0,61 2	0,61 7	0,62 5	0,01 0
<i>Ayrshire</i>	45,323	5,903	3,42 8	1,35 6	0,65 8	0,68 3	0,69 1	0,04 0
<i>Dexter</i>	41,323	5,742	3,16 6	1,28 4	0,66 2	0,64 9	0,65 7	- 0,00 1
<i>Guernsey</i>	61,774	5,065	2,97 1	1,20 4	0,61 6	0,63 2	0,63 7	0,02 1
<i>Hereford</i>	45,097	5,194	3,12 8	1,21 5	0,62 2	0,63 3	0,64 0	0,02 9
<i>Friesian</i>	47,226	6,387	3,49 3	1,37 8	0,64 1	0,66 7	0,67 4	0,04 2
<i>Jersey</i>	45,613	4,839	2,79 7	1,13 9	0,58 7	0,59 6	0,60 3	0,01 4



<i>Longhorn</i>	32,161	4,032	2,34 2	0,94 1	0,49 6	0,51 2	0,52 0	0,05 1
<i>South-Devon</i>	43,194	5,323	2,98 6	1,22 6	0,61 1	0,63 5	0,64 2	0,03 6
<i>Highland</i>	42,871	4,323	2,49 7	1,02 6	0,55 0	0,55 7	0,56 3	0,01 4
<i>Shorthorn</i>	42,161	5,613	3,00 1	1,22 3	0,56 1	0,62 0	0,62 8	0,09 2
<b>Holstein Friesian</b>	167,19 4	7,645	3,53 5	1,40 7	0,67 2	0,68 4	0,68 6	0,02 1
<i>Hungarian Grey</i>	57,548	6,355	3,34 3	1,32 6	0,63 3	0,65 4	0,66 0	0,06 4
<i>Cabannina</i>	22,806	6,290	3,59 1	1,39 9	0,64 0	0,67 5	0,69 1	0,05 4
<i>Chianina</i>	31,613	5,484	3,31 4	1,30 5	0,65 1	0,66 2	0,67 3	0,02 9
<i>Cinisara</i>	28,935	7,258	4,25 4	1,58 6	0,69 5	0,72 7	0,74 0	0,05 9
<i>Grigia Alpina</i>	27,419	6,000	3,39 1	1,35 2	0,63 2	0,66 2	0,67 4	0,04 9
<i>Modicana</i>	50,323	8,452	4,04 4	1,57 7	0,59 2	0,71 6	0,72 3	0,17 3
<i>Piemontese</i>	45,774	7,258	4,03 5	1,53 0	0,70 4	0,72 4	0,73 2	0,03 4
<i>Podolica</i>	49,452	8,355	4,20 6	1,60 8	0,70 2	0,73 5	0,74 2	0,04 3
<i>Rendena</i>	34,387	6,258	3,55 0	1,40 4	0,61 2	0,68 6	0,69 6	0,11 7
<i>Romagnola</i>	30,290	19,38 7	7,88 8	2,26 6	0,58 1	0,80 7	0,82 1	0,29 8
<i>Red Holstein</i>	86,065	7,419	4,05 1	1,49 5	0,68 3	0,71 1	0,71 5	0,03 6
<i>Dutch Friesian</i>	31,774	5,355	3,14 8	1,26 3	0,62 4	0,64 2	0,65 2	0,03 2
<i>Dutch Belted</i>	23,000	5,226	3,13 0	1,25 9	0,62 9	0,64 0	0,65 5	0,01 7
<i>Groningen Whiteheaded</i>	23,161	4,129	2,38 8	1,01 3	0,54 5	0,54 9	0,56 2	0,02 2
<i>Carinthian Blond</i>	58,161	6,581	3,34 5	1,33 8	0,64 4	0,65 0	0,65 6	0,01 3
<i>Murbodner</i>	46,323	5,968	3,43 7	1,36 4	0,69 4	0,67 0	0,67 7	- 0,03 5
<i>Pinzgauer</i>	39,516	6,484	3,50 1	1,41 3	0,68 2	0,68 6	0,69 5	0,01 1
<i>Pustertaler</i>	43,258	5,871	3,44 9	1,35 4	0,66 9	0,67 5	0,68 3	0,01 0
<i>Tyrolean Gray Cattle</i>	47,387	5,806	3,20 8	1,27 7	0,63 2	0,63 9	0,64 6	0,01 5
<i>Tux-Zillertal</i>	33,677	5,581	3,31 3	1,30 3	0,64 6	0,65 3	0,66 3	0,01 8
<i>Waldviertler</i>	58,290	5,839	2,95 5	1,20 7	0,60 9	0,60 4	0,60 9	0,00 8
<i>Polish Red</i>	45,774	6,935	3,61 0	1,45 1	0,68 4	0,69 4	0,70 1	0,01 5
<i>Bestuzhev</i>	65,032	6,516	3,50 8	1,39 2	0,64 3	0,67 9	0,68 4	0,05 9
<i>Istoben</i>	45,097	5,968	3,60 4	1,37 5	0,68 6	0,67 6	0,68 3	- 0,00



								<i>I</i>
<i>Kalmyk</i>	27,903	6,129	3,36 1	1,33 5	0,68 5	0,65 2	0,66 4	- 0,04 7
<i>Kholmogor</i>	40,355	5,903	3,27 6	1,32 4	0,63 8	0,65 2	0,66 0	0,03 0
<i>Pechora (type of Kholmogor)</i>	29,774	5,452	3,27 6	1,29 5	0,64 1	0,65 3	0,66 4	0,01 7
<i>Suksun</i>	38,774	6,065	3,67 3	1,39 8	0,67 5	0,69 3	0,70 2	0,03 1
<i>Yaroslavl</i>	43,387	6,452	3,70 9	1,42 6	0,69 1	0,69 1	0,69 9	0,00 4
<i>Yakutian cattle</i>	59,935	5,000	2,63 3	1,11 7	0,58 4	0,58 7	0,59 2	0,01 2
<i>Simmentaler</i>	132,51 6	7,645	3,29 0	1,36 8	0,64 3	0,66 1	0,66 4	0,03 0
<i>Swiss Brown</i>	92,935	6,742	3,35 7	1,36 2	0,65 9	0,66 5	0,66 9	0,01 6
<i>Swedish Red</i>	31,194	5,355	3,13 2	1,27 9	0,63 7	0,64 3	0,65 3	0,02 7
<i>Anatolian Black</i>	48,129	10,12 9	5,06 7	1,81 7	0,73 5	0,78 2	0,79 0	0,06 0
<i>Ukrainian Grey</i>	29,323	5,097	3,05 8	1,24 8	0,64 7	0,64 1	0,65 2	- 0,01 3
<i>Holstein Friesian</i>	167,19 4	7,645	3,53 5	1,40 7	0,67 2	0,68 4	0,68 6	0,02 1
<i>Mean</i>	48,665	6,536	3,51 0	1,37 4	0,63 5	0,66 7	0,67 6	0,05 2
<i>SE</i>	0,484	0,052	0,02 5	0,00 7	0,00 3	0,00 2	0,00 2	0,00 2

Na = nombre d'allèles/ Na (Freq  $\geq$  5%) = nombre d'allèles, avec fréquence  $\geq$  5%/ Ne = nombre efficace des allèles/ I = l'index de Shannon/ No. PA nombre d'allèle privé par variété/ No. LComAl ( $\leq$  25%) : nombre d'allèle en communs localement avec fréquence  $<$  25% de la population / No. LComAl ( $\leq$  50%) : nombre d'allèle en communs localement avec fréquence  $<$  50% de la population/ He = hétérozygotie attendue/ Hnb = Hétérozygotie attendue non biaisée/

### Nombre allélique

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

D'après les résultats obtenus pour les 107 races étudiées, on remarque que le nombre d'allèles par race varie de 4,613 à 19,387 avec une moyenne de 6,536, elle est plus élevée chez la race avec Romagnola 19,38 suivis par la race N'Dama avec 12,54, ET Busa 11,06 le plus faible nombre moyen d'allèles a été enregistré chez les races Evolene Lagunaire ET Red Danish avec (4,6 et 4,7 et 4,8) respectivement, ceci peut être expliqué par la taille des échantillons

### Nombre efficace d'allèles (Ae)

Le nombre efficace d'allèles (Ne) est défini comme l'inverse de la probabilité que deux marqueurs, pris au hasard, présentent le même allèle (Rognon et Verrier, 2007). Le nombre



d'allèles efficaces (Ae) pour la population bovine est de moyenne 3,5. Il varie de 2,34 pour la race Longhorn à 2,38 pour la race Groningen Whiteheaded. présentent de faibles taux en matière du nombre efficace d'allèles et les race les plus efficace

Romagnola (7,8) et Anatolian Black(5,6), Les races menacées possèdent une faible taille d'effectif qui requiert une mise en place rapide d'un programme de conservation génétique.

### **L'indice de Shannon (I)**

. L'indice de Shannon permet d'exprimer la diversité spécifique de chaque race bovin . Il varie entre 0,9(Longhorn) et 1,8 (Anatolian Black). Au moyen la biodiversité est 1,37

### **L'hétérozygotie observée et attendue**

Le tableau résume les différents taux d'hétérozygotie observé (Hobs), attendu (He) et non biaisé (Hnb) calculés grâce au logiciel GenALEX 6.5 (Peakall et Smouse 2006, 2012) pour les 31 microsatellites analysés.

Le plus faible taux d'hétérozygotie non biaisé enregistré est évidemment celui des races à faibles effectifs, il s'agit des races Longhorn (0,52), Highland ET Groningen Whiteheaded (0,56) et Bazadais ET Yakutian cattle (0,59), tandis que le taux le plus important est celui de la race Romagnola (0,82) qui présente la plus importante diversité génétique, parmi les 107 races étudiées,

En effet le taux d'hétérozygotie théorique (He) le plus élevé était marqué dans LA RACE Romagnola (0,807) ceci nous renforce la suggestion que la diversité de CETTE RACE est plus importante par rapport à les autres race.

nous observons que le taux moyenne d hétérozygote observe (Ho) varie entre Lagunaire(0,47°) et Anatolian Black(0,73) par contre taux moyenne d hétérozygote attendu (He) varie entre Romagnola (0,807) et Longhorn(0,512) avec une moyenne total 0,66 qui présent une excès d hétérozygote dans la population confirmer par quelque valeur négatif de indice de fixation f avec la moyenne 0,05

### **Analyse de base de donnée selon format**

à l'aide de 31microsatellites SSR (Single sequence repeat) pour 59 FORMAT des bovin, cette description génétique nous a permis d'estimer la variabilité et la diversité génétique ainsi de voir le type de format le plus efficace sur le plan génétique

Le tableau 08 présente les paramètres génétiques des marqueurs étudié ; La taille des SSR varie entre 49-1199selon les amorces. Au totale 1106 allèles ont été observé chez les 5363 individus ; microsatellites ont HEL9, ILSTS6, HAUT24 et HAUT27présenté le plus d'allèles par locus, en revanche microsatellites a ETH10 INRA35 ,CSRM60 , BM1824 ont montré le nombre le plus bas d'allèle.

**Tableau 9 : paramètres génétiques pour chaque locus étudiés pour le format**

<b>Locus</b>	<b>TAIL PB</b>	<b>N O AL LE</b>	<b>Ht</b>	<b>He</b>	<b>Ho</b>	<b>Fis</b>	<b>Fit</b>	<b>Fst</b>	<b>Nm</b>	<b>PIC</b>	<b>HWS</b>



		LE										
INRA23	95/225	27	0,830	0,827	0,735	0,111	0,114	0,003	80,055	0.868	***	
HEL9	141/242	51	0,785	0,785	0,692	0,118	0,119	0,001	211,259	0.882	***	
CSSM66	171/209	24	0,849	0,847	0,745	0,121	0,123	0,003	97,317	0.891	***	
ETH3	103/154	43	0,744	0,743	0,663	0,108	0,110	0,002	143,294	0.893	***	
INRA37	110/150	30	0,732	0,729	0,595	0,184	0,186	0,003	75,251	0.879	***	
MM12	101/190	26	0,783	0,780	0,693	0,112	0,115	0,004	62,422	0.848	***	
ETH185	212/341	47	0,805	0,804	0,687	0,145	0,146	0,001	173,299	0.858	***	
TGLA227	59/107	38	0,882	0,880	0,792	0,099	0,102	0,003	77,983	0.903	***	
TGLA122	99/184	32	0,801	0,800	0,710	0,112	0,114	0,002	166,082	0.918	***	
TGLA53	121/191	32	0,886	0,883	0,745	0,157	0,159	0,003	79,152	0.895	***	
INRA63	157/189	22	0,656	0,654	0,558	0,147	0,150	0,004	59,233	0.875	***	
INRA5	96/177	41	0,637	0,634	0,555	0,125	0,129	0,004	55,941	0.835	***	
ETH225	107/159	39	0,795	0,794	0,695	0,124	0,126	0,001	182,529	0.778	***	
ILSTS5	147/351	43	0,476	0,474	0,405	0,145	0,149	0,005	54,331	0.813	***	
HEL5	141/209	45	0,810	0,807	0,672	0,167	0,170	0,004	69,547	0.784	***	
HEL1	91/167	22	0,738	0,735	0,625	0,150	0,154	0,004	58,483	0.862	***	
INRA35	49/124	20	0,446	0,445	0,274	0,385	0,386	0,002	149,718	0.774	***	
ETH1529	104/1199	49	0,747	0,744	0,663	0,110	0,113	0,004	61,909	0,756	***	
ETH10	128/299	20	0,756	0,750	0,613	0,182	0,188	0,007	33,600	0.887	***	
INRA32	152/204	25	0,726	0,722	0,606	0,160	0,165	0,006	38,982	0.851	***	
BM2113	122/156	27	0,867	0,865	0,748	0,135	0,137	0,002	129,397	0.878	***	
BM1824	89/197	21	0,769	0,766	0,674	0,120	0,123	0,003	76,328	0.891	***	
HEL13	138/294	46	0,657	0,654	0,530	0,189	0,193	0,005	51,526	0.827	***	
BM1818	248/361	45	0,713	0,710	0,616	0,132	0,135	0,003	78,024	0.805	***	
ILSTS6	260/498	52	0,812	0,809	0,688	0,150	0,152	0,003	86,347	0.831	***	
CSRM60	79/295	21	0,767	0,765	0,657	0,141	0,144	0,003	71,446	0.885	***	
ETH185	140/340	46	0,804	0,803	0,663	0,174	0,175	0,001	173,895	0.872	***	
HAUT24	102/202	49	0,822	0,820	0,706	0,139	0,141	0,002	101,280	0.874	***	
HAUT27	120/192	48	0,794	0,793	0,636	0,198	0,200	0,002	142,312	0.875	***	
TGLA126	87/133	35	0,727	0,726	0,631	0,131	0,132	0,001	210,782	0.854	***	
SPS115	219/293	40	0,636	0,635	0,549	0,135	0,137	0,002	117,408	0,791	***	
/	/	/									***	
/	/	/				0,149	0,151	0,003	102,230			



						0,009	0,009	0,000	9,245		
--	--	--	--	--	--	-------	-------	-------	-------	--	--

### Taille de locus

La taille de la plupart des locus est dispersé présent un intervalle plus ouvert par rapport d'autre locus qui une petit taille(ETH225)

Hétérozygotie observée (HO) et attendue (HE) ET HT:

- De même L'hétérozygotie observée Ho est varié entre 0,274-0,792INRA35et TGLA227
- L'hétérozygotie attendue He varie entre 0,474à0,883au locus ILSTS5et TGLA53,
- la diversité totale des gènes (HT) de Nei varie entre 0,476 (ILSTS5) et0,886 (TGLA53)

### FIS FIT FST

- le FIS > 0, cela signifie que la sous population présente un déficit d'hétérozygoties elle varie entre 0,099(TGLA227) et 0,385(INRA35) avec une moyenne 0,149
- La valeur FIT représente le déficit global en hétérozygoties dans les populations. Elle varie entre 0,1012pour TGLA227et0,386pour INRA35, avec une moyenne de 0,1514pour tous les loci.
- La moyenne de l'indice de fixation de chaque population (FST) est de0,003, variant de 0,001pour (HEL9, ETH185 , ETH225 , TGLA126)à 0,007 pour ETH10

#### flux génétique (Nm)

Les valeurs du flux génique (Nm) entre paires de populations ont en effet révélés l'existence d'importants échanges alléliques entre locus. Le flux génique est d'autant plus important que les populations sont faiblement différenciées Dans ce cas NEI EST varie entre 33,600(ETH10 ) et 211,259 (HEL9)avec la moyenne 102,230

, les F-statistiques permettent de décrire la structure des populations, la répartition de la variabilité génétique entre et au sein des populations en estimant la variance standardisée des fréquences alléliques entre les sous populations (Wright, 1978). Les F- statistiques de Wright permettent aussi de connaître la structure génétique d'une espèce grâce à l'estimation, d'une part, de la fixation des allèles dans l'ensemble des populations (FIT) et à l'intérieur des sous-populations (FIS) et, d'autre part, de la différenciation génétique entre les sous populations (FST).

#### a. Indice de fixation FIS

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



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

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

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

### • Le Contenu D'information De Polymorphisme

Le PIC est un indice idéal pour mesurer le polymorphisme des marqueurs. Selon Botstein et al. (1980), un PIC supérieur à 0,50 indique un locus très informatif, un PIC compris entre 0,50 et 0,25 indique un locus moyennement informatif, et un PIC inférieur à 0,25 indique un locus peu informatif. Dans notre étude Les valeurs de contenu d'information de polymorphisme (PIC) de cet InDel parmi les marqueurs étudiées variaient de 0.7560.918L'InDel était un PIC modéré dans lucuss TGLA122et le plus bas ETH152

**Tableau 10 : paramètres génétiques pour chaque format des bovins**

Pop	N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F	Na Freq. $\geq 5\%$	No. Privates Alleles
bréviligne	2778,226	20,419	4,466	1,701	0,641	0,743	0,744	0,142	4,677	5,903
longiligne	847,129	18,129	4,692	1,762	0,643	0,757	0,757	0,154	4,774	3,806
Médioligne	1581,839	25,032	4,444	1,716	0,635	0,743	0,743	0,150	4,742	10,355
MEAN	1735,731	21,194	4,534	1,726	0,639	0,748	0,748	0,148		
SE	83,062	0,654	0,169	0,038	0,011	0,011	0,011	0,006		

### Nombre allélique

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

D'après les résultats obtenus pour les 3 TYPE DE FORMAT des bovin étudiées, on remarque que le nombre d'allèles par format varie de 18,129 à 25,023 avec une moyenne de 21,194 elle est plus élevée chez le format Médioligne avec 25,023 suivis par le format Bréviligne avec 20,419, ET Longiligne 18,129. le plus faible nombre moyen d'allèles a été enregistré chez les format Longiligne





### **Nombre efficace d'allèles ( $A_e$ )**

Le nombre efficace d'allèles ( $N_e$ ) est défini comme l'inverse de la probabilité que deux marqueurs, pris au hasard, présentent le même allèle (Rognon et Verrier, 2007).

Le nombre d'allèles efficaces ( $A_e$ ) pour la population bovine est de moyenne 4,534 Il varie de 4,444 pour Médioligne SUIVI PAR 4,466 POUR Bréviligne APRES 4,692 POUR Longiligne 1

### **L'indice de Shannon ( $I$ )**

L'indice de Shannon permet d'exprimer la diversité spécifique de chaque FORMAT DES bovin . Il varie entre Médiolignee (1,716) et Longiligne (1,762) Au moyen la biodiversité est 1,726

### **L'hétérozygotie observée et attendue**

Le tableau résume les différents taux d'hétérozygotie observé ( $H_{obs}$ ), attendu ( $H_e$ ) et non biaisé ( $H_{nb}$ ) calculés grâce au logiciel GenALEX 6.5 (Peakall et Smouse 2006, 2012) pour les 31 microsatellites analysés.

Le plus faible taux d'hétérozygotie non biaisé enregistré est évidemment celui des races à faibles effectifs, il s'agit des format Médiolignee (0,743) tandis que le taux le plus important est celui de le format Longiligne 1 (0,757) qui présente la plus importante diversité génétique, parmi les 3 FORMAT étudiées, avec une moyenne 0,748

nous observons que le taux moyenne d hétérozygote observe ( $H_o$ ) varie entre Médiolignee (0,635°) et Longiligne 0,643) par contre taux moyenne d hétérozygote attendu ( $H_e$ ) varie entre Médiolignee brevligne (0,743) et Longiligne (0,757) avec une moyenne total 0,748 qui présent une excès d hétérozygote dans la population confirmer par qeulque valeur négatif de indice de fixation  $f$  avec la moyenne 0,148

## **Analyse de base donnée selon profile**

à l'aide de 31 microsatellites SSR (Single sequence repeat) pour 3 profil des bovin, cette description génétique nous a permis d'estimer la variabilité et la diversité génétique ainsi de voir les profile les plus efficace sur le plan génétique

Le tableau 10 présente les paramètres génétiques des marqueurs étudié ; La taille des SSR varie entre 49-1199 selon les amorces. Au totale 1106 allèles ont été observé chez les 5363 individus ; les amorces ont HEL9, ILSTS6, HAUT24 et HAUT27 présenté le plus d'allèles par locus, en revanche l'amorce a ETH10 INRA35, CSRM60, BM1824 montré le nombre le plus bas d'allèle.



Tableau 11 : paramètres génétiques pour chaque locus étudiés selon le profil des bovin

Locus	TAILL PB	NO ALLELE	Ht	He	Ho	Fis	Fit	Fst	Nm	PIC	HW
INRA23	95/225	27	0,827	0,825	0,733	0,111	0,114	0,003	87,875	0.885	***
HEL9	141/242	51	0,788	0,786	0,694	0,118	0,120	0,002	100,812	0.882	***
CSSM66	171/209	24	0,853	0,852	0,749	0,121	0,122	0,001	272,204	0.891	***
ETH3	103/154	43	0,752	0,752	0,670	0,109	0,110	0,001	250,770	0.893	***
INRA37	110/150	30	0,726	0,725	0,593	0,183	0,184	0,002	141,000	0.879	***
MM12	101/190	26	0,782	0,778	0,687	0,117	0,121	0,005	53,555	0.848	***
ETH185	212/341	47	0,807	0,805	0,690	0,143	0,144	0,002	126,463	0.858	***
TGLA227	59/107	38	0,879	0,877	0,785	0,105	0,107	0,003	86,199	0.903	***
TGLA122	99/184	32	0,802	0,800	0,708	0,115	0,117	0,002	120,244	0.918	***
TGLA53	121/191	32	0,884	0,882	0,742	0,159	0,160	0,002	116,637	0.895	***
INRA63	157/189	22	0,648	0,645	0,549	0,149	0,152	0,003	72,719	0.875	***
INRA5	96/177	41	0,636	0,636	0,558	0,121	0,123	0,001	170,771	0.835	***
ETH225	107/159	39	0,794	0,792	0,697	0,120	0,122	0,002	113,656	0.778	***
ILSTS5	147/351	43	0,470	0,469	0,399	0,148	0,150	0,002	140,757	0.813	***
HEL5	141/209	45	0,808	0,804	0,673	0,163	0,168	0,006	42,574	0.784	***
HEL1	91/167	22	0,729	0,725	0,620	0,146	0,150	0,005	48,652	0.862	***
INRA35	49/124	20	0,449	0,448	0,272	0,393	0,394	0,002	150,410	0.774	***
ETH152	104/1199	49	0,748	0,746	0,656	0,120	0,123	0,003	84,539	0.756	***
ETH10	128/299	20	0,757	0,754	0,620	0,177	0,181	0,005	53,961	0.887	***
INRA32	152/204	25	0,712	0,709	0,593	0,164	0,167	0,004	66,349	0.851	***
BM2113	122/156	27	0,867	0,864	0,753	0,129	0,131	0,002	100,458	0.878	***
BM1824	89/197	21	0,766	0,764	0,675	0,117	0,119	0,003	86,167	0.891	***
HEL13	138/294	46	0,652	0,647	0,528	0,185	0,190	0,007	37,518	0.827	***
BM1818	248/361	45	0,705	0,704	0,610	0,133	0,135	0,002	133,615	0.805	***
ILSTS6	260/498	52	0,812	0,809	0,691	0,146	0,148	0,003	78,875	0.831	***
CSRM60	79/295	21	0,765	0,762	0,657	0,138	0,140	0,003	79,119	0.885	***
ETH185	140/340	46	0,806	0,805	0,667	0,172	0,173	0,002	123,892	0.872	***
HAUT24	102/202	49	0,821	0,818	0,707	0,136	0,138	0,003	78,622	0.874	***
HAUT27	120/192	48	0,794	0,790	0,642	0,187	0,191	0,005	51,416	0.875	***
TGLA126	87/133	35	0,725	0,722	0,635	0,121	0,124	0,004	66,148	0.854	***
SPS115	219/293	40	0,633	0,632	0,547	0,134	0,135	0,001	287,045	0.791	***
	/	/									***
MEAN	/	/				0,148	0,150	0,003	110,420		***
SE						0,009	0,009	0,000	11,349		***

*Taille de locus*

La taille de la plupart des locus est dispersé présent un intervalle plus ouvert par rapport d'autre locus qui une petit taille(ETH225)

Hétérozygotie observée (HO) et attendue (HE) ET HT:



- De même L'hétérozygotie observée  $H_o$  est varié entre 0,272-0,742 INRA35et TGLA53
- L'hétérozygotie attendue  $H_e$  varie entre 0,4480à0,882au locus INRA35et TGLA53
- la diversité totale des gènes ( $H_T$ ) de Nei varie entre 0,449 (INRA35) et0,884 (TGLA53)

### FIS FIT FST

- le  $FIS > 0$ , cela signifie que la sous population présente un déficit d'hétérozygoties elle varie entre 0,105(TGLA227) et 1,393(INRA35)avec une moyenne 0,148)
- La valeur FIT représente le déficit global en hétérozygoties dans les populations. Elle varie entre 0,107pour TGLA227et1,394 pour INRA35, avec une moyenne de 0,150pour tous les loci.
- La moyenne de l'indice de fixation de chaque population (FST) est de0,003variant de 0,001pour (CSSM66 , ETH3, INR15 , SPS115°) à 0,007pour HEL13
- **Nm : flux génétique**

Les valeurs du flux génique (Nm) entre paires de populations ont en effet révélés l'existence d'importants échanges alléliques entre locus . Le flux génique est d'autant plus important que les populations sont faiblement différenciées Dans ce cas NEI estimé de moyenne 110,420 IL

### contenu d'information de polymorphisme

Le PIC est un indice idéal pour mesurer le polymorphisme des marqueurs. Selon Botstein et al. (1980), un PIC supérieur à 0,50 indique un locus très informatif, un PIC compris entre 0,50 et 0,25 indique un locus moyennement informatif, et un PIC inférieur à 0,25 indique un locus peu informatif. Dans notre étude Les valeurs de contenu d'information de polymorphisme (PIC) de cet InDel parmi les marqueur étudiées variaient de 0.774 à 0.918 InDel était un PIC modéré dans lucussTGLA122et le plus bas INRA35

**Tableau 12 ; paramètres génétiques pour chaque profil des bovins**

Pop	N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F	Na Freq. >= 5%	No. Private Alleles
ellipométrique	1495,097	28,419	4,810	1,800	0,630	0,762	0,762	0,176	4,839	13,774
Eumétrique	1647,065	13,968	4,366	1,668	0,644	0,738	0,738	0,131	4,677	0,806
Hyperométrique	2065,032	20,387	4,361	1,682	0,642	0,738	0,739	0,135	4,677	6,000
Mean	1735,731	20,925	4,512	1,717	0,639	0,746	0,746	0,147		
SE	25,404	0,847	0,169	0,038	0,011	0,011	0,011	0,006		



### **Nombre allélique**

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

D'après les résultats obtenus pour les 3 profils des bovins étudiés, on remarque que le nombre d'allèles par profil varie de 13,986 à 28,419 avec une moyenne de 20,925, elle est plus élevée chez le profil Ellipométrique avec 28,419 suivis par le profil Hyperométrique avec 20,387 ET Eumétrique 13,986

le plus faible nombre moyen d'allèles a été enregistré chez le profil Eumétrique

### **Nombre efficace d'allèles ( $A_e$ )**

Le nombre efficace d'allèles ( $N_e$ ) est défini comme l'inverse de la probabilité que deux marqueurs, pris au hasard, présentent le même allèle (Rognon et Verrier, 2007).

Le nombre d'allèles efficaces ( $A_e$ ) pour la population bovine est de moyenne 4,512 Il varie de 4,366 pour Eumétrique SUIVI PAR 20,387 POUR 4,361 hyperométrique ET 4,810 ellipométrique

### **L'indice de Shannon ( $I$ )**

. L'indice de Shannon permet d'exprimer la diversité spécifique de chaque profil DES bovins . Il varie entre Eumétrique (1,686) et Ellipométrique (1,800) Au moyen la biodiversité est 1,717

### **L'hétérozygotie observée et attendue**

Le tableau résume les différents taux d'hétérozygotie observé ( $H_{obs}$ ), attendu ( $H_e$ ) et non biaisé ( $H_{nb}$ ) calculés grâce au logiciel GenALEX 6.5 (Peakall et Smouse 2006, 2012) pour les 31 microsatellites analysés.

Le plus faible taux d'hétérozygotie non biaisé enregistré est évidemment celui des profils à faibles effectifs, il s'agit des profils Eumétrique (0,738) tandis que le taux le plus important est celui de le profil Ellipométrique (0,762) qui présente la plus importante diversité génétique, parmi les 3 profils étudiés, avec une moyenne 0,746

nous observons que le taux moyenne d'hétérozygote observé ( $H_o$ ) varie entre Ellipométrique (0,630) et Eumétrique 0,644 par contre taux moyenne d'hétérozygote attendu ( $H_e$ ) varie entre Eumétrique ET Hyperométrique (0,738) et Ellipométrique (0,762) avec une moyenne total 0,7466 qui présente un excès d'hétérozygote dans la population confirmé par quelque valeur négatif de l'indice de fixation  $f$  avec la moyenne 0,147



## Analyse de base donnée selon la couleur

à l'aide de 31 microsatellites SSR (Single sequence repeat) pour 103 couleur des robes des race bovin, cette description génétique nous a permis d'estimer la variabilité et la diversité génétique ainsi de voir les couleurs les plus efficace sur le plan génétique

Le tableau 12 présente les paramètres génétiques des marqueurs étudié ; La taille des SSR varie entre 49-1199 selon les amorces. Au totale 1106 allèles ont été observé chez les 5363 individus ; les amorces ont HEL9 , ILSTS6, HAUT24 et HAUT27 présenté le plus d'allèles par locus, en revanche l'amorce a ETH10 INRA35 ,CSRM60 , BM1824 montré le nombre le plus bas d'allèle.

**Tableau 13 ; paramètres génétiques pour chaque locus étudiés POUR COLOR**

Locus	taille pb	no allèle	Ht	He	Ho	Fis	Fit	Fst	PIC	HWS	Nm
INRA23	95/225	27	0,826	0,761	0,724	0,048	0,124	0,079	0,932	***	2,906
HEL9	141/242	51	0,785	0,728	0,686	0,058	0,126	0,072	0,903	***	3,213
CSSM66	171/209	24	0,852	0,787	0,740	0,060	0,132	0,076	0,909	***	3,023
ETH3	103/154	43	0,760	0,700	0,666	0,050	0,124	0,078	0,902	***	2,951
INRA37	110/150	30	0,728	0,673	0,606	0,100	0,168	0,076	0,892	***	3,024
MM12	101/190	26	0,774	0,712	0,672	0,056	0,132	0,080	0,877	***	2,859
ETH185	212/341	47	0,800	0,731	0,683	0,066	0,146	0,086	0,875	***	2,662
TGLA227	59/107	38	0,879	0,823	0,788	0,043	0,103	0,063	0,908	***	3,713
TGLA122	99/184	32	0,803	0,746	0,710	0,048	0,115	0,071	0,912	***	3,291
TGLA53	121/191	32	0,885	0,828	0,739	0,108	0,166	0,065	0,882	***	3,612
INRA63	157/189	22	0,648	0,594	0,547	0,079	0,155	0,083	0,887	***	2,778
INRA5	96/177	41	0,636	0,600	0,571	0,049	0,102	0,056	0,826	***	4,236
ETH225	107/159	39	0,784	0,736	0,700	0,050	0,108	0,061	0,769	***	3,846
ILSTS5	147/351	43	0,473	0,423	0,391	0,077	0,173	0,104	0,854	***	2,152
HEL5	141/209	45	0,810	0,725	0,670	0,076	0,173	0,105	0,859	***	2,124
HEL1	91/167	22	0,727	0,666	0,628	0,058	0,137	0,084	0,857	***	2,726
INRA35	49/124	20	0,449	0,418	0,263	0,372	0,414	0,068	0,841	***	3,449
ETH152	104/1199	49	0,743	0,694	0,657	0,054	0,116	0,066	0,792	***	3,562
ETH10	128/299	20	0,753	0,665	0,607	0,087	0,194	0,117	0,883	***	1,896
INRA32	152/204	25	0,722	0,648	0,606	0,064	0,160	0,103	0,876	***	2,172
BM2113	122/156	27	0,869	0,796	0,757	0,050	0,129	0,083	0,891	***	2,746
BM1824	89/197	21	0,766	0,709	0,684	0,036	0,108	0,074	0,895	***	3,127
HEL13	138/294	46	0,637	0,576	0,527	0,084	0,172	0,096	0,881	***	2,342
BM1818	248/361	45	0,714	0,669	0,627	0,063	0,123	0,064	0,874	***	3,673
ILSTS6	260/498	52	0,810	0,742	0,687	0,074	0,152	0,084	0,855	***	2,721
CSRM60	79/295	21	0,755	0,699	0,656	0,061	0,131	0,075	0,887	***	3,102
ETH185	140/340	46	0,799	0,730	0,662	0,093	0,172	0,087	0,891	***	2,630
HAUT24	102/202	49	0,814	0,749	0,707	0,056	0,132	0,080	0,886	***	2,866
HAUT27	120/192	48	0,793	0,730	0,629	0,138	0,207	0,080	0,874	***	2,882



TGLA126	87/133	35	0,726	0,671	0,636	0,053	0,124	0,075	0,872	***	3,100
SPS115	219/293	40	0,634	0,592	0,551	0,069	0,131	0,066	0,758	***	3,541
						0,077	0,150	0,079			2,998
						0,011	0,010	0,003			0,098

### Taille de locus

La taille de la plupart des locus est dispersé présent un intervalle plus ouvert par rapport d'autre locus qui une petit taille(ETH225)

Hétérozygotie observée (HO) et attendue (HE) ET HT:

- De même L'hétérozygotie observée Ho est varié entre 0,263-0,788 INRA35et TGLA227respectivement).
- L'hétérozygotie attendue He varie entre 0,418à0,828au locus INRA35etTGLA53respectivement
- la diversité totale des gènes (HT) de Nei varie entre 0,449 (I NRA35) et0,885 (TGLA53)

### FIS FIT FST

- le FIS > 0, cela signifie que la sous population présente un déficit d'hétérozygoties elle varie entre 0,043 (TGLA227) et 0,372 (INRA35)avec une moyenne 0,077
- La valeur FIT représente le déficit global en hétérozygoties dans les populations. Elle varie entre 0,103pour TGLA227 ET 0,414pour INRA35, avec une moyenne de 0,150pour tous les loci.
- La moyenne de l'indice de fixation de chaque population (FST) est de0,079variant de 0,063pourTGLA227et 0,117pour ETH10
- Nm : flux génétique

Les valeurs du flux génique (Nm) entre paires de populations ont en effet révélés l'existence d'importants échanges alléliques entre locus . Le flux génique est d'autant plus important que les populations sont faiblement différenciées Dans ce cas NEI estimé de moyenne 2,998ilvarie entre 1,896 ETH10 ET4,236INRA5

### Le contenu d'information de polymorphisme

Le PIC est un indice idéal pour mesurer le polymorphisme des marqueurs. Selon Botstein et al. (1980), un PIC supérieur à 0,50 indique un locus très informatif, un PIC compris entre 0,50 et 0,25 indique un locus moyennement informatif, et un PIC inférieur à 0,25 indique un locus peu informatif. Dans notre étude Les valeurs de contenu d'information de



polymorphisme (PIC) de cet InDel parmi les marqueurs étudiés variaient de 0.758 à 0.932L'InDel était un PIC modéré dans lucuss INRA23 et le plus bas SPS115

**Tableau 14 ; paramètres génétiques pour chaque couleur de robe des bovins**

Pop	N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F	Na >= 5%	No. s (<=25%)	No. (<=50%)
pie Rouge	64,516	6,871	3,858	1,473	0,651	0,700	0,705	0,081	4,677	1,677	2,774
Rouge au bringué ou au brun en passant par pie Rouge	43,000	7,806	4,191	1,553	0,656	0,714	0,722	0,081	4,677	2,129	3,355
Rouge pommelé blanc	132,516	7,935	3,344	1,399	0,651	0,671	0,673	0,032	4,161	2,129	3,290
brun au noire	43,774	7,000	4,089	1,532	0,696	0,721	0,730	0,042	4,774	1,516	2,710
châtain avec des nuances.	99,355	8,258	4,238	1,563	0,658	0,720	0,724	0,091	5,000	2,323	3,613
Rouge Fromentino avec tache blanch	48,290	7,613	3,910	1,530	0,647	0,713	0,720	0,095	4,677	1,871	3,032
Blanc pie Grise	49,710	8,419	4,148	1,583	0,652	0,713	0,721	0,092	5,194	2,548	3,613
blanche , marron (blonde	47,419	6,323	3,531	1,389	0,623	0,680	0,688	0,086	4,290	1,258	2,097
blanche et Rouge	2,000	2,903	2,634	0,974	0,774	0,581	0,774	-0,338	2,903	0,226	0,548
blond-froment unie avec des nuances allant du blanc au roux	48,677	7,194	3,850	1,487	0,674	0,701	0,708	0,044	4,677	1,613	2,871
Bringé,Unie RougeUnie noire, Unie Jaune	44,806	6,387	3,632	1,410	0,689	0,690	0,698	0,002	4,194	1,194	2,226
brun avec des nuances uniformes	49,387	7,290	4,048	1,528	0,663	0,719	0,727	0,077	5,032	1,581	2,774
brun fauve	140,194	11,065	4,580	1,722	0,669	0,756	0,759	0,117	4,871	3,516	4,839
Brun fauve	41,387		2,905	1,184	0,621	0,625	0,632	0,002	3,548	0,774	1,258
brune ou Grise, plus foncée,	49,516	7,194	3,483	1,392	0,590	0,654	0,660	0,100	4,484	1,645	2,774
brun-Rouge	22,613	5,839	3,386	1,354	0,661	0,669	0,684	0,015	4,097	0,806	1,774
Grise	235,065	11,000	4,550	1,716	0,639	0,754	0,756	0,157	4,903	3,452	4,774
Grise, plus foncé	29,806	6,548	3,882	1,467	0,681	0,703	0,715	0,035	4,806	1,226	2,323
Grise	40,968	8,355	4,246	1,621	0,614	0,732	0,741	0,165	4,516	2,097	3,194
Marron	29,839	12,581	4,016	1,729	0,587	0,708	0,720	0,177	4,258	2,516	3,581
Mouchetée	31,839	6,000	3,322	1,335	0,657	0,665	0,676	0,016	4,000	1,129	1,871
Noire	49,677	8,065	4,030	1,551	0,682	0,716	0,723	0,051	4,742	2,290	3,516
noire et blanc	50,290	6,484	2,983	1,251	0,546	0,609	0,615	0,115	3,742	1,742	2,516
noire tacheté blanc	49,710	4,806	2,405	0,991	0,482	0,529	0,534	0,101	3,065	1,065	1,645
noire, Rouge	60,000	7,194	3,395	1,396	0,595	0,672	0,678	0,118	4,355	1,677	2,742
Noire	179,710	9,161	4,313	1,607	0,647	0,733	0,735	0,121	4,871	2,774	4,097
noire et blanche,	40,516	5,903	3,332	1,320	0,631	0,652	0,660	0,038	4,032	1,065	1,839
noire ou Rouge,	43,581	6,839	3,805	1,455	0,641	0,694	0,702	0,078	4,548	1,645	2,645
noire, Rouge ou pie	46,839	7,000	4,058	1,500	0,698	0,707	0,715	0,020	4,710	1,613	2,742
Pie Grise- à noire	41,419	7,097	3,973	1,517	0,628	0,712	0,721	0,120	4,742	1,581	2,677
Pie noire	54,194	6,097	3,347	1,345	0,588	0,665	0,671	0,122	4,065	1,097	2,032
pie noire (tachetée noire et	3,548	3,000	2,357	0,884	0,637	0,509	0,598	-0,252	3,000	0,194	0,419



blanche)											
pie noire	144,258	7,516	3,516	1,402	0,668	0,682	0,685	0,024	4,226	1,903	3,129
Pie noire	48,194	5,645	3,233	1,285	0,541	0,647	0,654	0,175	4,032	1,000	1,710
pie noire aux taches	42,774	6,032	3,268	1,344	0,638	0,665	0,672	0,042	4,161	1,032	1,968
pie Rouge	50,839	5,645	2,792	1,177	0,543	0,598	0,604	0,096	3,548	0,774	1,548
Pie Rouge	169,161	9,097	4,247	1,591	0,585	0,726	0,728	0,202	4,903	2,516	3,806
pie Rouge	39,581	6,484	3,575	1,430	0,693	0,694	0,702	0,007	4,677	1,387	2,323
pie Rouge (	45,581	6,774	3,729	1,458	0,663	0,691	0,699	0,041	4,871	1,387	2,516
Pie Rouge ou Grise	43,161	6,484	3,565	1,416	0,631	0,686	0,694	0,080	4,387	1,355	2,419
Pie Rouge ou noire	14,903	4,613	2,997	1,197	0,621	0,627	0,649	0,023	3,968	0,613	1,258
pie Rouge sur les flancs	30,032	4,677	2,699	1,117	0,590	0,590	0,600	0,006	3,677	0,484	1,161
robe blanche	62,548	7,258	3,948	1,489	0,658	0,705	0,710	0,071	4,710	1,742	2,935
robe blanche à taches ou mouchetage noire.	93,194	8,065	3,975	1,539	0,673	0,718	0,722	0,067	4,484	2,290	3,581
robe noire	47,742	7,226	4,051	1,543	0,638	0,727	0,735	0,126	4,903	1,774	2,903
Rouge	219,387	9,935	4,219	1,628	0,653	0,732	0,733	0,111	4,677	3,516	4,839
Rouge acajou sombre,	358,677	10,290	4,255	1,610	0,636	0,728	0,729	0,127	4,710	3,548	4,871
Rouge et blanc ou rouan	42,161	7,194	3,934	1,498	0,648	0,713	0,722	0,094	4,484	1,742	2,871
Rouge feu	48,194	7,387	3,689	1,455	0,596	0,684	0,691	0,130	4,419	1,387	2,613
Rouge foncé	49,452	8,290	4,317	1,619	0,632	0,731	0,738	0,143	4,968	2,387	3,516
Rouge ou noire	24,129	6,065	3,441	1,358	0,638	0,663	0,677	0,050	4,194	1,000	1,935
Rouge sombre (red angus) ou noire (black angus),	40,516	5,742	3,316	1,302	0,598	0,659	0,668	0,095	3,871	1,032	1,710
Rouge unie	47,032	5,806	3,308	1,317	0,600	0,659	0,666	0,091	4,161	0,871	1,645
Rouge unie	31,935	6,194	3,754	1,426	0,626	0,695	0,706	0,098	4,323	1,194	2,161
Rouge,	61,645	10,355	4,991	1,804	0,716	0,777	0,783	0,080	5,226	3,484	4,806
Rouges et blancs sobres,	85,065	7,613	4,080	1,518	0,683	0,715	0,719	0,042	4,871	2,000	3,226
unie blanch	51,323	7,194	3,615	1,441	0,613	0,681	0,687	0,099	4,516	1,645	2,774
Unie blanch froment	58,226	7,000	3,464	1,412	0,661	0,673	0,679	0,025	4,548	1,645	2,677
Unie blanch froment	57,000	7,032	3,431	1,391	0,639	0,670	0,676	0,050	4,387	1,742	2,839
Unie blanche	133,097	10,548	4,340	1,658	0,674	0,742	0,744	0,093	4,677	3,419	4,710
unie bleu blanch	47,710	6,935	3,817	1,458	0,645	0,697	0,704	0,081	4,613	1,613	2,710
Unie brun	22,452	5,645	3,388	1,344	0,628	0,672	0,688	0,070	4,226	1,194	1,806
Unie brun-Grise	92,484	7,355	3,603	1,430	0,650	0,680	0,684	0,053	4,194	1,806	2,935
Unie fauve, nuancée de brun et Grise	45,548	6,452	3,624	1,395	0,625	0,683	0,691	0,093	4,323	1,452	2,419
Unie fauve-froment	34,516	5,774	3,484	1,380	0,664	0,690	0,700	0,043	4,226	0,935	1,742
Unie froment à brun	50,645	7,000	3,226	1,360	0,550	0,659	0,665	0,171	3,839	1,129	2,032
Unie Grise	127,387	14,806	4,669	1,768	0,646	0,749	0,752	0,141	4,677	3,226	4,548
Unie Grise argentée	46,097	7,226	4,142	1,527	0,674	0,719	0,727	0,067	4,677	1,613	2,613
Unie Grise ou noire	49,935	7,161	4,055	1,513	0,637	0,716	0,723	0,114	4,806	1,774	2,871
Unie marron	46,710	6,323	3,513	1,378	0,652	0,683	0,690	0,048	4,000	1,290	2,161
Unie noire	118,161	8,839	3,980	1,568	0,631	0,716	0,719	0,122	4,645	3,065	4,355
unie noire	33,258	16,065	6,112	2,078	0,591	0,795	0,807	0,274	4,742	1,065	1,968
Unie Rouge	107,710	7,968	3,834	1,493	0,620	0,700	0,704	0,118	4,742	2,258	3,548





<i>Unie Rouge à noire</i>	46,000	7,065	3,841	1,463	0,658	0,690	0,698	0,047	4,452	1,548	2,774
<i>Unie Rouge ou noire</i>	33,613	6,065	3,254	1,319	0,630	0,647	0,656	0,032	4,032	1,097	2,032
<i>Unie Rouge-froment</i>	46,710	7,032	3,815	1,485	0,689	0,705	0,713	0,024	4,677	1,645	2,806
<i>unie, avec des nuances pouvant aller du blond clair au Rouge</i>	49,903	7,000	3,743	1,437	0,634	0,681	0,687	0,071	4,710	1,645	2,774
<i>unie-fauve, Rouge</i>	57,581	7,226	3,633	1,444	0,633	0,686	0,692	0,092	4,452	1,806	3,000
<i>uniforme brun clair</i>	96,806	8,032	4,065	1,543	0,659	0,712	0,716	0,077	4,839	2,323	3,613
<i>Mean</i>	65,914	7,356	3,739	1,450	0,638	0,688	0,698	0,074			
<i>SE</i>	1,111	0,066	0,030	0,008	0,003	0,003	0,003	0,003			

### Nombre allélique

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

D'après les résultats obtenus pour les 96 couleurs des robes bovin étudiées, on remarque que le nombre d'allèles par couleur de robes varie de 2,903 à 16,065 avec une moyenne de 7,356. Elle est plus élevée chez la couleur unie noire avec 16,065 suivis par la couleur Unie Grise avec 14,806 et Marron 12,581.

Le plus faible nombre moyen d'allèles a été enregistré chez la couleur blanche et rouge et pie noire ET, avec noire tacheté blanc (2,903 et 3,06 et 4,806) respectivement.

### Nombre efficace d'allèles ( $A_e$ )

Le nombre efficace d'allèles ( $N_e$ ) est défini comme l'inverse de la probabilité que deux marqueurs, pris au hasard, présentent le même allèle (Rognon et Verrier, 2007).

Le nombre d'allèles efficaces ( $A_e$ ) pour la population bovine est de moyenne 3,739. Il varie de 2,357 pour pie noir et 2,405 pour noir tacheté blanc ET 2,699 pour pie rouge sur les flancs. Ils présentent de faibles taux en matière du nombre efficace d'allèles.

et les couleurs les plus efficaces unie noire (6,112) et rouge (4,991), Unie grise (4,669).

### L'indice de Shannon ( $I$ )

L'indice de Shannon permet d'exprimer la diversité spécifique de chaque couleur des robes DES bovin. Il varie entre pie noire (0,884) et unie noire (2,078). Au moyen la biodiversité est 1,450.

### L'hétérozygotie observée et attendue

Le tableau résume les différents taux d'hétérozygotie observé ( $H_{obs}$ ), attendu ( $H_e$ ) et non biaisé ( $H_{nb}$ ) calculés grâce au logiciel GenALEX 6.5 (Peakall et Smouse 2006, 2012) pour les 31 microsatellites analysés.



Le plus faible taux d'hétérozygotie non biaisé enregistré est évidemment celui des couleur à faibles effectifs, il s'agit LA COLEUR noir tacheté blanc (0,534) tandis que le taux le plus important est celui de LA COULEUR rouge (0,783) qui présente la plus importante diversité génétique, parmi les 106 COULEUR étudiées, avec une moyenne 0,074

nous observons que le taux moyenne d hétérozygote observe (Ho) varie entre noir tacheté blanc (0,482°) et blanche et rouge 0,774) par contre taux moyenne d hétérozygote attendu (He) varie entre pie noire (0,509) et unie noire (0,795) avec une moyenne total 0,688 qui présent une excès d hétérozygote dans la population confirmer par quelque valeur négatif de indice de fixation f avec la moyenne 0,074

### Analyse de base de données selon la présence ou absence des cornes

à l'aide de 31 microsatellites SSR (Single sequence repeat) pour 34 DES CORNE des bovin, cette description génétique nous a permis d'estimer la variabilité et la diversité génétique ainsi de voir la CORNE les plus efficace sur le plan génétique

Le tableau 14 présente les paramètres génétiques des marqueurs étudié ; La taille des SSR varie entre 49-1199 selon les amorces. Au totale 1106 allèles ont été observé chez les 5363 individus ; les amorces ont HEL9 , ILSTS6, HAUT24 et HAUT27 présenté le plus d'allèles par locus, en revanche l'amorce a ETH10 INRA35 , CSRM60 , BM1824 montré le nombre le plus bas d'allèle.

**Tableau 15 ; paramètres génétiques pour chaque locus étudiés par rapport la présence ou absence des cornes**

Locus	TAILL PB	NO ALLELE	Ht	He	Ho	Fis	Fit	Fst	Nm	PIC	hws
INRA23	95/225	27	0,827	0,827	0,728	0,120	0,120	0,001	352,986	0,802	***
HEL9	141/242	51	0,782	0,782	0,688	0,120	0,121	0,001	465,678	0,882	***
CSSM66	171/209	24	0,847	0,846	0,742	0,122	0,123	0,001	214,382	0,891	***
ETH3	103/154	43	0,752	0,752	0,672	0,106	0,106	0,000	784,733	0,893	***
INRA37	110/150	30	0,727	0,727	0,598	0,177	0,178	0,001	332,747	0,879	***
MM12	101/190	26	0,769	0,767	0,678	0,116	0,118	0,002	116,176	0,848	***
ETH185	212/341	47	0,806	0,805	0,693	0,139	0,139	0,001	245,116	0,858	***
TGLA227	59/107	38	0,878	0,877	0,790	0,099	0,100	0,001	288,232	0,903	***
TGLA122	99/184	32	0,801	0,801	0,705	0,120	0,120	0,001	355,214	0,918	***
TGLA53	121/191	32	0,886	0,885	0,750	0,153	0,153	0,001	370,163	0,895	***
INRA63	157/189	22	0,651	0,650	0,564	0,133	0,134	0,001	262,419	0,875	***
INRA5	96/177	41	0,626	0,625	0,551	0,119	0,121	0,002	134,800	0,835	***
ETH225	107/159	39	0,786	0,786	0,697	0,113	0,114	0,001	293,572	0,778	***
ILSTS5	147/351	43	0,475	0,473	0,401	0,153	0,156	0,003	85,731	0,831	***
HEL5	141/209	45	0,804	0,801	0,664	0,172	0,174	0,003	81,946	0,784	***
HEL1	91/167	22	0,725	0,725	0,617	0,148	0,148	0,000	1287,769	0,862	***
	49/124	20	0,455	0,454	0,280	0,382	0,384	0,004	70,064	0,774	***
ETH152	104/1199	49	0,745	0,745	0,659	0,115	0,116	0,000	610,231	0,756	***
ETH10	128/299	20	0,757	0,756	0,611	0,192	0,193	0,000	523,613	0,887	***



INRA32	152/204	25	0,702	0,701	0,592	0,157	0,157	0,001	231,295	0,851	***
BM2113	122/156	27	0,867	0,866	0,750	0,134	0,135	0,001	282,739	0,878	***
BM1824	89/197	21	0,765	0,765	0,686	0,103	0,103	0,000	3638,974	0,891	***
HEL13	138/294	46	0,642	0,642	0,532	0,171	0,172	0,000	618,329	0,827	***
BM1818	248/361	45	0,705	0,704	0,620	0,119	0,120	0,001	177,025	0,805	***
ILSTS6	260/498	52	0,810	0,808	0,686	0,151	0,153	0,002	120,152	0,831	***
CSRM60	79/295	21	0,771	0,770	0,672	0,128	0,129	0,001	204,470	0,885	***
ETH185	140/340	46	0,806	0,805	0,672	0,165	0,166	0,001	288,984	0,872	***
HAUT24	102/202	49	0,814	0,813	0,704	0,133	0,134	0,001	303,909	0,874	***
HAUT27	120/192	48	0,794	0,793	0,647	0,184	0,185	0,001	386,099	0,875	***
TGLA126	87/133	35	0,725	0,724	0,640	0,116	0,117	0,001	297,567	0,854	***
SPS115	219/293	40	0,630	0,629	0,553	0,122	0,122	0,001	490,552	0,791	***
						0,145	0,146	0,001	448,892		
						0,009	0,009	0,000	114,928		

### Taille de locus

La taille de la plupart des locus est dispersé présent un intervalle plus ouvert par rapport d'autre locus qui une petit taille(ETH225)

Hétérozygotie observée (HO) et attendue (HE) ET HT:

- De même L'hétérozygotie observée Ho est varié entre 0,280-0,790 INRA35et TGLA227 respectivement).
- L'hétérozygotie attendue He varie entre 0,454à0,885au locus INRA35et TGLA53 respectivement
- la diversité totale des gènes (HT) de Nei varie entre 0,4355 (INRA35) et0,885 (TGLA53)
- le FIS> 0, cela signifie que la sous population présente un déficit d'hétérozygoties elle varie entre 0,099 (TGLA227) et 0,382 (INRA35)avec une moyenne 0,145
- La valeur FIT représente le déficit global en hétérozygoties dans les populations. Elle varie entre 0,100pour TGLA227et0,384pour INRA35, avec une moyenne de 0,146pour tous les loci.
- La moyenne de l'indice de fixation de chaque population (FST) est de0,001, variant de 0,000pour( ETH3, ETH152 ETH10 HEL1 ) a 0,004pour INRA35

### • Nm : flux génétique

Les valeurs du flux génique (Nm) entre paires de populations ont en effet révélés l'existence d'importants échanges alléliques entre locus . Le flux génique est d'autant plus important que



les populations sont faiblement différenciées Dans ce cas NEI estimé de moyenne 448,892il varie entre 70,064 (INRA35 ) et3638,974 (BM1824)

- *Le contenu d'information de polymorphisme*

*Le PIC est un indice idéal pour mesurer le polymorphisme des marqueurs. Selon Botstein et al. (1980), un PIC supérieur à 0,50 indique un locus très informatif, un PIC compris entre 0,50 et 0,25 indique un locus moyennement informatif, et un PIC inférieur à 0,25 indique un locus peu informatif. Dans notre étude Les valeurs de contenu d'information de polymorphisme (PIC) de cet InDel parmi les marqueur étudiées variaient de 0.756 a 0.903L 'InDel était un PIC modéré dans lucussTGLA227 et le plus bas ETH152*

**Tableau 16 ; paramètres génétiques pour absence et présence des corne**

Pop	N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F	Na Freq. >= 5%	No. Privates Alleles
Absence	1124,613	17,774	4,429	1,689	0,641	0,743	0,743	0,139	4,581	3,548
présence	4082,581	32,129	4,538	1,733	0,639	0,748	0,748	0,150	4,742	17,903
Mean	2603,597	24,952	4,483	1,711	0,640	0,745	0,745	0,145		
SE	189,474	1,406	0,206	0,047	0,013	0,013	0,013	0,007		

### Nombre allélique

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

D'après les résultats obtenus pour les absence et presence corne des bovin étudiées, on remarque que le nombre d'allèles par la présence ou absence de corne varie de 17, 774 a 32,129avec une moyenne de 24,952elle est plus élevé chez la présence du corne avec 32,129suivis par la absence du corne avec 17,774

### Nombre efficace d'allèles (Ae)

Le nombre efficace d'allèles (Ne) est défini comme l'inverse de la probabilité que deux marqueurs, pris au hasard, présentent le même allèle (Rognon et Verrier, 2007).

Le nombre d'allèles efficaces (Ae) pour la population bovine est de moyenne 4,483Il varie de4,429pour absence du corne et 4,538presence présentent de faibles taux en matière du nombre efficace d'allèles et les corne les plus efficace presence (4,538)



### L'indice de Shannon (I)

. L'indice de Shannon permet d'exprimer la diversité spécifique de chaque présence ou absence du corne chez les bovin . Il varie entre absence (1,689) et présence (1,733) Au moyen la biodiversité est 1,711

### L'hétérozygotie observée et attendue

Le tableau résume les différents taux d'hétérozygotie observé (Hobs), attendu (He) et non biaisé (Hnb) calculés grâce au logiciel GenALEx 6.5 (Peakall et Smouse 2006, 2012) pour les 31 microsatellites analysés.

Le plus faible taux d'hétérozygotie non biaisé enregistré est évidemment celui des couleur à faibles effectifs, il s'agit la absence du corne (0,743) tandis que le taux le plus important est celui de la présence du corne (0,748) qui présente la plus importante diversité génétique, parmi les CORNE étudiées,avec une moyenne0,745

nous observons que le taux moyenne d hétérozygote observe (Ho) varie entre absence du corne (0,641°) et PRESENCE ( 0,639) par contre taux moyenne d hétérozygote attendu (He) varie entre absence du corne (0,743) et présence (0,748)avec une moyenne total 0,745qui présent une excès d hétérozygote dans la population confirmer par les valeur de indice de fixation f avec la moyenne 0,145

### Analyse de base de donne selon intérêt de bovin

à l'aide de 31microsatellites SSR (Single sequence repeat) pour 59 intérêt des bovin, cette description génétique nous a permis d'estimer la variabilité et la diversité génétique ainsi de voir intérêt les plus efficace sur le plan génétique

Le tableau16 présente les paramètres génétiques des marqueurs étudié ; La taille des SSR varie entre 49-1199selon les amorces. Au totale 1106 allèles ont étai observé chez les 5363 individus ; les amorces ont HEL9 , ILSTS6, HAUT24 et HAUT27présenté le plus d'allèles par locus, en revanche l'amorce a ETH10 INRA35 ,CSRM60 , BM1824 montré le nombre le plus bas d'allèle.

**Tableau 17 ; paramètres génétiques pour chaque locus étudiés pour intérêt**

Locus	TAILL PB	NO ALLELE	Ht	He	Ho	Fis	Fit	Fst	PIC	Nm	hws
INRA23	95/225	27	0,810	0,802	0,712	0,112	0,121	0,010	0.888	23,685	***
HEL9	141/242	51	0,793	0,785	0,706	0,100	0,109	0,011	0.882	23,265	***
CSSM66	171/209	24	0,860	0,836	0,755	0,097	0,123	0,029	0.891	8,512	***
ETH3	103/154	43	0,738	0,731	0,688	0,059	0,068	0,010	0.893	25,754	***
INRA37	110/150	30	0,727	0,714	0,592	0,171	0,185	0,018	0.879	13,750	***
MM12	101/190	26	0,792	0,780	0,686	0,120	0,134	0,015	0.848	16,121	***



ETH185	212/341	47	0,791	0,775	0,679	0,124	0,142	0,021	0,858	11,840	***
TGLA227	59/107	38	0,883	0,877	0,822	0,063	0,069	0,006	0,903	38,452	***
TGLA122	99/184	32	0,799	0,788	0,713	0,095	0,108	0,015	0,918	16,835	***
TGLA53	121/191	32	0,887	0,875	0,749	0,144	0,156	0,014	0,895	17,814	***
INRA63	157/189	22	0,638	0,631	0,555	0,120	0,129	0,010	0,875	24,227	***
INRA5	96/177	41	0,619	0,614	0,552	0,102	0,109	0,008	0,835	32,099	***
ETH225	107/159	39	0,806	0,797	0,709	0,111	0,121	0,011	0,778	21,667	***
ILSTS5	147/351	43	0,475	0,474	0,417	0,119	0,122	0,003	0,813	75,659	***
HEL5	141/209	45	0,800	0,783	0,675	0,138	0,156	0,021	0,784	11,650	***
HEL1	91/167	22	0,746	0,740	0,636	0,140	0,148	0,009	0,862	27,553	***
INRA35	49/124	20	0,492	0,481	0,321	0,333	0,348	0,023	0,774	10,586	***
ETH152	104/1199	49	0,764	0,738	0,645	0,126	0,155	0,033	0,756	7,225	***
ETH10	128/299	20	0,755	0,751	0,639	0,149	0,153	0,005	0,887	51,875	***
INRA32	152/204	25	0,701	0,694	0,603	0,131	0,140	0,010	0,851	24,591	***
BM2113	122/156	27	0,867	0,855	0,758	0,114	0,126	0,013	0,878	18,650	***
BM1824	89/197	21	0,765	0,754	0,688	0,088	0,100	0,014	0,891	17,579	***
HEL13	138/294	46	0,655	0,599	0,504	0,159	0,231	0,086	0,827	2,666	***
BM1818	248/361	45	0,696	0,690	0,611	0,115	0,122	0,008	0,805	30,117	***
ILSTS6	260/498	52	0,811	0,799	0,716	0,103	0,116	0,015	0,831	16,761	***
CSRM60	79/295	21	0,787	0,771	0,692	0,102	0,120	0,020	0,885	12,109	***
ETH185	140/340	46	0,791	0,774	0,662	0,146	0,164	0,021	0,872	11,438	***
HAUT24	102/202	49	0,821	0,802	0,718	0,105	0,126	0,023	0,874	10,436	***
HAUT27	120/192	48	0,780	0,771	0,618	0,199	0,209	0,012	0,875	21,382	***
TGLA126	87/133	35	0,727	0,706	0,619	0,124	0,149	0,029	0,854	8,446	***
SPS115	219/293	40	0,632	0,628	0,567	0,098	0,103	0,006	0,791	43,965	***
	/	/									***
Mean	/	/				0,126	0,141	0,017		21,829	***
Se						0,009	0,009	0,003		2,664	***

### Taille de locus

La taille de la plupart des locus est dispersé présent un intervalle plus ouvert par rapport d'autre locus qui une petit taille(ETH225)

Hétérozygotie observée (HO) et attendue (HE) ET HT:

- De même L'hétérozygotie observée Ho est varié entre 0,321-0,822(NRA35et TGLA227 chez respectivement).
- L'hétérozygotie attendue He varie entre 0,474à 0,875 au locus ILSTS5etTGLA53respectivement
- la diversité totale des gènes (HT) de Nei varie entre 0,492 (INRA35) et0,887 (TGLA53)



**FIS FIT FST**

- le FIS > 0, cela signifie que la sous population présente un déficit d’hétérozygoties elle varie entre 0,059 (ETH3) et 0,333 (INRA35) avec une moyenne 0,126
- La valeur FIT représente le déficit global en hétérozygoties dans les populations. Elle varie entre 0,068 pour ETH3 et 0,348 pour INRA35, avec une moyenne de 0,141 pour tous les loci.
- La moyenne de l’indice de fixation de chaque population (FST) est de 0,017, variant de 0,003 pour ILSTS5 à 0,033 pour ETH152

**• Nm : flux génétique**

Les valeurs du flux génique (Nm) entre paires de populations ont en effet révélés l’existence d’importants échanges alléliques entre locus . Le flux génique est d’autant plus important que les populations sont faiblement différenciées Dans ce cas NEI estimé de moyenne 21,829 il varie entre 2,666 (HEL13 ) et 75,659 (ILSTS5)

**• Pic**

Le PIC est un indice idéal pour mesurer le polymorphisme des marqueurs. Selon Botstein et al. (1980), un PIC supérieur à 0,50 indique un locus très informatif, un PIC compris entre 0,50 et 0,25 indique un locus moyennement informatif, et un PIC inférieur à 0,25 indique un locus peu informatif. Dans notre étude Les valeurs de contenu d’information de polymorphisme (PIC) de cet InDel parmi les marqueur étudiées variaient de 0,774 à 0,918 L’InDel était un PIC modéré dans lucuss TGLA53 et le plus bas INRA35

**Tableau 18 ; paramètre génétique selon intérêt des bovin étudié**

Pop	N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F	Na Freq. >= 5%	No. Private Alleles
Combat	43,903	6,774	3,859	1,480	0,665	0,708	0,716	0,061	4,548	0,097
laitières	1643,774	14,581	4,528	1,709	0,631	0,748	0,748	0,160	4,613	0,871
Mixte	1739,097	25,258	4,492	1,733	0,639	0,747	0,747	0,148	4,581	10,645
Viande	1780,419	23,387	4,442	1,699	0,646	0,741	0,741	0,133	4,806	8,548
Mean	1301,798	17,500	4,330	1,655	0,645	0,736	0,738	0,125		
SE	65,696	0,795	0,143	0,033	0,010	0,009	0,009	0,006		

Nombre allélique



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

D'après les résultats obtenus pour les 4 intert des bovin étudiées, on remarque que le nombre d'allèles par intert du bovin varie de 6,774 à 25,258 avec une moyenne de 17,500 elle est plus élevée chez les bovin mixte avec 25,258 suivis par les bovin viande avec 23,387 ET les bovin laitières 14,581 et finalement les ovins combat 6,774 le plus faible nombre moyen d'allèles

### **Nombre efficace d'allèles ( $A_e$ )**

Le nombre efficace d'allèles ( $N_e$ ) est défini comme l'inverse de la probabilité que deux marqueurs, pris au hasard, présentent le même allèle (Rognon et Verrier, 2007).

Le nombre d'allèles efficaces ( $A_e$ ) pour la population bovine est de moyenne 17,500 Il varie de 3,859 pour les bovin combat suivi par les bovin viande 4,442 et mixte 4,492 et Laitières 4,528 présentent de faibles taux en matière du nombre efficace d'allèles

### **L'indice de Shannon ( $I$ )**

. L'indice de Shannon permet d'exprimer la diversité spécifique de chaque intert du bovin . Il varie entre les bovin combat (1,480) et les bovin mixte (1,733) Au moyen la biodiversité est 1,655

### **L'hétérozygotie observée et attendue**

Le tableau résume les différents taux d'hétérozygotie observé ( $H_{obs}$ ), attendu ( $H_e$ ) et non biaisé ( $H_{nb}$ ) calculés grâce au logiciel GenALEX 6.5 (Peakall et Smouse 2006, 2012) pour les 31 microsatellites analysés.

Le plus faible taux d'hétérozygotie non biaisé enregistré est évidemment celui des bovin à faibles effectifs, il s'agit des bovin combat (0,716) tandis que le taux le plus important est celui de les bovin Laitière (0,748 qui présente la plus importante diversité génétique, parmi les «4 intert des bovin étudiées, avec une moyenne 0,738

nous observons que le taux moyenne d'hétérozygote attendu observe ( $H_e$ ) varie entre les bovin combat (0,708°) et Laitière (0,748) par contre taux moyenne d'hétérozygote observe ( $H_o$ ) varie entre les bovin Laitière (0,631 et les bovin combat (0,665) avec une moyenne total 0,645 qui présente un excès d'hétérozygote dans la population confirmé par les valeurs négatives de l'indice de fixation  $f$  avec la moyenne 0,125

### **Analyse de base de données selon le poids de bovin**





à l'aide de 31 microsatellites SSR (Single sequence repeat) pour 106 POIDS des bovin, cette description génétique nous a permis d'estimer la variabilité et la diversité génétique ainsi de voir POIDS les plus efficace sur le plan génétique

Le tableau 18 présente les paramètres génétiques des marqueurs étudié ; La taille des SSR varie entre 49-1199 selon microsatellites. Au totale 1106 allèles ont été observé chez les 5363 individus ; microsatellites ont HEL9, ILSTS6, HAUT24 et HAUT27 présenté le plus d'allèles par locus, en revanche microsatellites ETH10 INRA35, CSRM60, BM1824 ont montré le nombre le plus bas d'allèle

**Tableau 18 : paramètres génétiques pour chaque locus étudiés poids**

All Pops.	TAILL L PB	NO ALLE LE	Ht	He	Ho	Fis	Fit	Fst	Nm	PIC	hws
INRA23	95/22 5	27	0,824	0,753	0,726	0,036	0,119	0,086	2,657	0.957	***
HEL9	141/2 42	51	0,783	0,714	0,686	0,040	0,124	0,088	2,598	0.891	***
CSSM66	171/2 09	24	0,852	0,771	0,740	0,041	0,132	0,095	2,385	0.894	***
ETH3	103/1 54	43	0,753	0,682	0,657	0,036	0,127	0,094	2,412	0.897	***
INRA37	110/1 50	30	0,728	0,663	0,605	0,087	0,169	0,089	2,560	0.882	***
MM12	101/1 90	26	0,782	0,708	0,685	0,032	0,124	0,095	2,385	0.866	***
ETH185	212/3 41	47	0,808	0,729	0,697	0,044	0,138	0,099	2,282	0.868	***
TGLA227	59/10 7	38	0,880	0,814	0,793	0,026	0,099	0,075	3,085	0.906	***
TGLA122	99/18 4	32	0,802	0,738	0,713	0,035	0,112	0,080	2,865	0.923	***
TGLA53	121/1 91	32	0,885	0,810	0,734	0,093	0,170	0,085	2,696	0.887	***
INRA63	157/1 89	22	0,651	0,590	0,553	0,064	0,151	0,093	2,433	0.883	***
INRA5	96/17 7	41	0,636	0,590	0,569	0,036	0,105	0,072	3,225	0.835	***
ETH225	107/1 59	39	0,786	0,729	0,698	0,042	0,112	0,073	3,172	0.778	***
ILSTS5	147/3 51	43	0,466	0,417	0,390	0,067	0,163	0,104	2,161	0.825	***
HEL5	141/2 09	45	0,811	0,721	0,676	0,061	0,166	0,111	1,993	0.823	***
HEL1	91/16 7	22	0,733	0,664	0,633	0,047	0,136	0,093	2,425	0.869	***
INRA35	49/12 4	20	0,451	0,417	0,265	0,365	0,413	0,076	3,026	0.803	***
ETH152	104/1 199	49	0,745	0,685	0,660	0,037	0,115	0,081	2,845	0.772	***
ETH10	128/2 99	20	0,750	0,656	0,612	0,067	0,183	0,125	1,750	0.892	***
INRA32	152/2 04	25	0,721	0,636	0,605	0,048	0,161	0,118	1,860	0.857	***



BM2113	122/1 56	27	0,867	0,788	0,760	0,036	0,123	0,091	2,503	0.883	***
BM1824	89/19 7	21	0,768	0,700	0,682	0,025	0,111	0,088	2,588	0.895	***
HEL13	138/2 94	46	0,644	0,569	0,531	0,067	0,175	0,116	1,912	0.850	***
BM1818	248/3 61	45	0,713	0,662	0,622	0,060	0,128	0,073	3,194	0.836	***
ILSTS6	260/4 98	52	0,810	0,729	0,688	0,056	0,151	0,101	2,235	0.842	***
CSRM60	79/29 5	21	0,767	0,697	0,664	0,048	0,135	0,091	2,496	0.886	***
ETH185	140/3 40	46	0,808	0,726	0,675	0,070	0,164	0,101	2,232	0.882	***
HAUT24	102/2 02	49	0,814	0,745	0,715	0,041	0,122	0,085	2,708	0.879	***
HAUT27	120/1 92	48	0,789	0,713	0,626	0,122	0,207	0,097	2,325	0.877	***
TGLA126	87/13 3	35	0,732	0,670	0,640	0,045	0,125	0,084	2,715	0.861	***
SPS115	219/2 93	40	0,641	0,588	0,555	0,056	0,134	0,082	2,781	0.774	***
Maen	/	/				0,062	0,148	0,092	2,532		
Se	/	/				0,011	0,010	0,002	0,070		

### Taille de locus

La taille de la plupart des locus est dispersé présent un intervalle plus ouvert par rapport d'autre locus qui une petit taille(ETH225)

Hétérozygotie observée (HO) et attendue (HE) ET HT:

- De même L'hétérozygotie observée Ho est varié entre 0,265-0,760 INRA35, et BM2113 chez respectivement).
- L'hétérozygotie attendue He varie entre 0,417à0,810au locus (INRA35,ILSTS5)etTGLA53respectivement (avec une moyenne de ).
- la diversité totale des gènes (HT) de Nei varie entre 0,451 (INRA35) et0,885 (TGLA53) avec un moyen total de
- le  $FIS > 0$ , cela signifie que la sous population présente un déficit d'hétérozygoties elle varie entre 0,025 (BM1824) et 0,365 (INRA35)avec une moyenne 0,062
- La valeur FIT représente le déficit global en hétérozygoties dans les populations. Elle varie entre 0,099pour TGLA227et0,413pour INRA35, avec une moyenne de 0,148pour tous les loci.
- La moyenne de l'indice de fixation de chaque population (FST) est de0,092, variant de 0,072pour INRA5à 0,125pour ETH10



• **Nm : flux génétique**

Les valeurs du flux génique (Nm) entre paires de populations ont en effet révélés l'existence d'importants échanges alléliques entre locus . Le flux génique est d'autant plus important que les populations sont faiblement différenciées Dans ce cas NEI estimé de moyenne 2,532il varie entre 1,750 (ETH10 ) et 3,225 (INRA5)

• **Le contenu d'information de polymorphisme**

Le PIC est un indice idéal pour mesurer le polymorphisme des marqueurs. Selon Botstein et al. (1980), un PIC supérieur à 0,50 indique un locus très informatif, un PIC compris entre 0,50 et 0,25 indique un locus moyennement informatif, et un PIC inférieur à 0,25 indique un locus peu informatif. Dans notre étude Les valeurs de contenu d'information de polymorphisme (PIC) de cet InDel parmi les marqueur étudiées variaient de 0.772 a 0.957 L'InDel était un PIC modéré dans lucussINRA23et le plus bas ETH152

**Tableau 19 : paramètre génétique selon le poids des bovin étudié**

POP	N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
103/120kg	49,710	8,419	4,148	1,583	0,652	0,713	0,721	0,092
165/200KG	49,710	4,806	2,405	0,991	0,482	0,529	0,534	0,101
285/ 330kg	29,839	12,581	4,016	1,729	0,587	0,708	0,720	0,177
100/200kg	50,290	6,484	2,983	1,251	0,546	0,609	0,615	0,115
250/500kg	47,484	7,742	3,846	1,525	0,614	0,703	0,711	0,130
550/630kg	170,871	9,000	3,882	1,532	0,644	0,710	0,712	0,094
700/750kg	47,710	6,935	3,817	1,458	0,645	0,697	0,704	0,081
500/700kg	40,194	7,129	3,785	1,472	0,634	0,699	0,708	0,092
400 / 450 kg	140,194	11,065	4,580	1,722	0,669	0,756	0,759	0,117
550KG	18,258	5,774	3,445	1,380	0,676	0,676	0,696	0,008
400kg / 900 kg	49,000	5,774	3,018	1,237	0,584	0,622	0,628	0,067
500kg/700kg	14,903	4,613	2,997	1,197	0,621	0,627	0,649	0,023
700kg	50,839	5,645	2,792	1,177	0,543	0,598	0,604	0,096
1000kg	43,742	7,161	3,926	1,511	0,685	0,711	0,719	0,043
550/630kg	187,806	8,871	4,081	1,553	0,631	0,715	0,717	0,120
500/700kg	47,806	6,258	3,245	1,339	0,634	0,654	0,661	0,031
400/800kg	28,452	5,806	3,312	1,329	0,637	0,654	0,666	0,026
600/950kg	50,645	7,000	3,226	1,360	0,550	0,659	0,665	0,171
700/900kg	48,742	6,484	3,550	1,408	0,575	0,684	0,691	0,162
650 et 800kg	96,806	8,032	4,065	1,543	0,659	0,712	0,716	0,077
450 kg. (600 kg	43,000	7,806	4,191	1,553	0,656	0,714	0,722	0,081
600 à 650 kg.	31,935	6,194	3,754	1,426	0,626	0,695	0,706	0,098
550 a 1000 kg	41,419	7,097	3,973	1,517	0,628	0,712	0,721	0,120
450kg a 750kg	99,355	8,258	4,238	1,563	0,658	0,720	0,724	0,091



550-600 kg	49,677	8,065	4,030	1,551	0,682	0,716	0,723	0,051
300 kg a 400kg	22,613	5,839	3,386	1,354	0,661	0,669	0,684	0,015
600 kg a 1000kg	93,194	8,065	3,975	1,539	0,673	0,718	0,722	0,067
600 kg,	1,000	1,806	1,806	0,559	0,806	0,403	0,806	- 1,000
600 kg	1,000	1,742	1,742	0,514	0,742	0,371	0,742	- 1,000
225kg	49,387	7,290	4,048	1,528	0,663	0,719	0,727	0,077
500 à 600 kg	13,290	5,452	3,418	1,339	0,653	0,663	0,689	0,025
600 kg.	47,226	7,161	3,800	1,472	0,665	0,699	0,707	0,056
257a 470kg	57,581	7,226	3,633	1,444	0,633	0,686	0,692	0,092
500a 900kg	49,935	7,161	4,055	1,513	0,637	0,716	0,723	0,114
375a 600kg	46,000	7,065	3,841	1,463	0,658	0,690	0,698	0,047
600a 700kg	50,000	7,129	4,006	1,514	0,683	0,719	0,726	0,047
550 à 950 kg	48,677	7,194	3,850	1,487	0,674	0,701	0,708	0,044
600 à 1 000 kg	45,935	5,839	3,113	1,246	0,542	0,621	0,628	0,132
600kg a1500 kg	49,903	7,000	3,743	1,437	0,634	0,681	0,687	0,071
600 kg- 700 kg	47,742	7,226	4,051	1,543	0,638	0,727	0,735	0,126
455a 750kg	43,774	7,000	4,089	1,532	0,696	0,721	0,730	0,042
300kg ♀ - 500kg	43,903	6,774	3,859	1,480	0,665	0,708	0,716	0,061
330a550kg	49,516	7,194	3,483	1,392	0,590	0,654	0,660	0,100
440a600kg	30,032	4,677	2,699	1,117	0,590	0,590	0,600	0,006
600 à 700 kg	42,774	6,032	3,268	1,344	0,638	0,665	0,672	0,042
450a660kg	25,452	6,000	3,662	1,404	0,678	0,687	0,701	0,013
625/800kg	37,097	6,516	3,763	1,419	0,645	0,686	0,695	0,070
550 à 650 kg	48,290	7,613	3,910	1,530	0,647	0,713	0,720	0,095
750 kg1000kg	46,419	7,161	3,683	1,456	0,643	0,689	0,697	0,073
900 à 1 000kg	51,323	7,194	3,615	1,441	0,613	0,681	0,687	0,099
450 kg. 600kg	3,548	3,000	2,357	0,884	0,637	0,509	0,598	- 0,252
700 à 1 100 kg	51,258	7,774	3,901	1,515	0,648	0,710	0,717	0,087
650kg - 950kg	46,097	7,226	4,142	1,527	0,674	0,719	0,727	0,067
750 kg 1000kg	48,194	7,387	3,689	1,455	0,596	0,684	0,691	0,130
750 à 850 kg	48,194	6,935	3,448	1,411	0,601	0,669	0,676	0,109
700 kg1000kg	29,581	6,290	3,808	1,446	0,628	0,699	0,711	0,100
700à 1 100kg	47,419	6,323	3,531	1,389	0,623	0,680	0,688	0,086
800 kg1 100 kg	34,516	5,774	3,484	1,380	0,664	0,690	0,700	0,043
700 à 900 kg	46,710	6,323	3,513	1,378	0,652	0,683	0,690	0,048
750 et 500 kg.	41,387	4,806	2,905	1,184	0,621	0,625	0,632	0,002
650 à 700 kg	40,516	5,742	3,316	1,302	0,598	0,659	0,668	0,095
850-900 kg.	45,581	6,774	3,729	1,458	0,663	0,691	0,699	0,041
300 à 350 kg.	42,968	6,161	3,287	1,333	0,593	0,662	0,670	0,112
450 à 700kg	62,387	6,419	3,344	1,332	0,545	0,652	0,658	0,179
800 kg1200kg	47,032	5,806	3,308	1,317	0,600	0,659	0,666	0,091
680a 770kg	48,194	5,645	3,233	1,285	0,541	0,647	0,654	0,175



300kg	45,548	6,452	3,624	1,395	0,625	0,683	0,691	0,093
550-600 kg	31,839	6,000	3,322	1,335	0,657	0,665	0,676	0,016
700kg	43,516	6,161	3,295	1,348	0,680	0,669	0,677	- 0,012
400--750kg	44,806	6,387	3,632	1,410	0,689	0,690	0,698	0,002
800 et 1 200 kg.	42,161	7,194	3,934	1,498	0,648	0,713	0,722	0,094
800kg - 900kg	56,290	7,355	3,718	1,468	0,630	0,694	0,701	0,105
350 kg 400kg	22,452	5,645	3,388	1,344	0,628	0,672	0,688	0,070
400 kg750kg	27,387	7,194	3,976	1,536	0,686	0,716	0,729	0,057
800-1 000kg	35,032	7,645	3,948	1,543	0,666	0,711	0,721	0,074
575 kg 950kg	27,677	7,548	4,130	1,591	0,596	0,731	0,744	0,185
900-1000kg	49,452	8,290	4,317	1,619	0,632	0,731	0,738	0,143
700 kg 900kg	46,806	8,065	4,233	1,603	0,707	0,739	0,747	0,046
400kg et 700kg.	49,290	8,839	4,369	1,634	0,662	0,735	0,743	0,104
500-550 kg	33,258	16,065	6,112	2,078	0,591	0,795	0,807	0,274
800a 1150kg	31,677	11,226	4,845	1,785	0,624	0,755	0,768	0,181
600-800 kg	85,065	7,613	4,080	1,518	0,683	0,715	0,719	0,042
544kg760kg	54,194	6,097	3,347	1,345	0,588	0,665	0,671	0,122
550kg.850 kg	24,129	6,065	3,441	1,358	0,638	0,663	0,677	0,050
550 k825 kg.	58,226	7,000	3,464	1,412	0,661	0,673	0,679	0,025
900 à 1 000 kg	46,710	7,032	3,815	1,485	0,689	0,705	0,713	0,024
650 kg&1100KG	39,581	6,484	3,575	1,430	0,693	0,694	0,702	0,007
900kg à 1 100 kg	43,161	6,484	3,565	1,416	0,631	0,686	0,694	0,080
550 à 630 kg,	47,355	6,387	3,520	1,392	0,635	0,678	0,686	0,066
500 et 600 kg	33,613	6,065	3,254	1,319	0,630	0,647	0,656	0,032
500kg	57,000	7,032	3,431	1,391	0,639	0,670	0,676	0,050
400kg770kg	47,065	7,323	3,827	1,502	0,666	0,707	0,715	0,063
457kga600 kg	64,516	6,871	3,858	1,473	0,651	0,700	0,705	0,081
420-720kg	46,839	7,000	4,058	1,500	0,698	0,707	0,715	0,020
420 850 kg	26,903	6,258	3,536	1,388	0,644	0,669	0,682	0,037
500kg à 600 kg	40,516	5,903	3,332	1,320	0,631	0,652	0,660	0,038
270kg a350kg	29,774	6,194	3,802	1,438	0,674	0,704	0,716	0,048
370-380kg	39,452	6,839	4,076	1,513	0,680	0,718	0,727	0,059
550kg1120kg	43,581	6,839	3,805	1,455	0,641	0,694	0,702	0,078
350kg A 600kg	60,000	7,194	3,395	1,396	0,595	0,672	0,678	0,118
700-800 kg	132,516	7,935	3,344	1,399	0,651	0,671	0,673	0,032
600kg à 700 kg	92,484	7,355	3,603	1,430	0,650	0,680	0,684	0,053
350kg à 600 kilo	61,645	10,355	4,991	1,804	0,716	0,777	0,783	0,080
200a 400kg	17,581	4,742	2,906	1,194	0,659	0,624	0,642	- 0,068
580kg A1050 kg	29,806	6,548	3,882	1,467	0,681	0,703	0,715	0,035
680a 770kg	144,258	7,516	3,516	1,402	0,668	0,682	0,685	0,024
Total	49,124	6,905	3,652	1,420	0,640	0,680	0,696	0,057
	0,515	0,051	0,025	0,007	0,003	0,002	0,002	0,003



### **Nombre allélique**

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

D'après les résultats obtenus pour les 106 POIDS des bovin étudiées, on remarque que le nombre d'allèles par poids bovin varie de 1,742 à 16,065 avec une moyenne de 6,905 elle est plus élevée chez les bovin à poids 500-550 kg avec 16,065 suivis par les bovin 285/ 330kg avec 12,581 ET les bovin 800 à 1150kg 11,226

le plus faible nombre moyen d'allèles a été enregistré chez les bovin 600kg suivi par 600kg avec (1,742 et 1,806) respectivement, ceci peut être expliqué par la taille des échantillons

### **Nombre efficace d'allèles ( $A_e$ )**

Le nombre efficace d'allèles ( $N_e$ ) est défini comme l'inverse de la probabilité que deux marqueurs, pris au hasard, présentent le même allèle (Rognon et Verrier, 2007).

Le nombre d'allèles efficaces ( $A_e$ ) pour la population bovine est de moyenne 3,652 Il varie de 1,742 pour les bovin (600) et 1,806 (600) ET 2,405 (165/200KG )

présentent de faibles taux en matière du nombre efficace d'allèles et les POIDS les plus efficace les bovin 500-550 kg (6,112) et 800 à 1150kg (4,845), 400 / 450 kg (4,580).

### **L'indice de Shannon (I)**

L'indice de Shannon permet d'exprimer la diversité spécifique de chaque intert du bovin. Il varie entre les bovin 600KG (0,514) et les bovin 500-550 kg (2,078) Au moyen la biodiversité est 1,420

### **L'hétérozygotie observée et attendue**

Le tableau résume les différents taux d'hétérozygotie observé ( $H_{obs}$ ), attendu ( $H_e$ ) et non biaisé ( $H_{nb}$ ) calculés grâce au logiciel GenALEX 6.5 (Peakall et Smouse 2006, 2012) pour les 31 microsatellites analysés.

Le plus faible taux d'hétérozygotie non biaisé enregistré est évidemment celui des bovin à faibles effectifs, il s'agit les bovin 165/200KG (0,534) tandis que le taux le plus important est celui de les bovin 500-550 kg (0,807) qui présente la plus importante diversité génétique, parmi les 106 POIDS des bovin étudiées, avec une moyenne 0,696

nous observons que le taux moyenne d'hétérozygote attendu observe ( $H_e$ ) varie entre les bovin 600KG (0,371°) et bovin 500-550 kg (0,795) par contre taux moyenne d'hétérozygote observe ( $H_o$ ) varie entre les bovin 165/200KG (0,482) et les bovin 600KG (0,806) avec une moyenne total 0,640 qui présente un excès d'hétérozygote dans la population confirmé par les valeur négatif de indice de fixation  $f$  avec la moyenne 0,057



### Analyse de base de donne selon hauteur de garrot de bovin

à l'aide de 31 microsatellites SSR (Single sequence repeat) pour 152 HGdes bovin, cette description génétique nous a permis d'estimer la variabilité et la diversité génétique ainsi de voir HGles plus efficace sur le plan génétique

Le tableau 20 présente les paramètres génétiques des marqueurs étudié ; La taille des SSR varie entre 49-1199 selon les amorces. Au totale 1106 allèles ont été observé chez les 5363 individus ; les amorces ont HEL9 , ILSTS6, HAUT24 et HAUT27 présenté le plus d'allèles par locus, en revanche l'amorce a ETH10 INRA35 ,CSRM60 , BM1824 montré le nombre le plus bas d'allèle.

**Tableau 20 : paramètres génétiques pour chaque locus étudiés hauteur de garrot**

Locus	TAILL PB	NO ALLEL E	Ht	He	Ho	Fis	Fit	Fst	Nm
INRA23	95/225	27	0,824	0,750	0,730	0,028	0,115	0,090	2,531
HEL9	141/242	51	0,789	0,717	0,699	0,025	0,114	0,091	2,495
CSSM6 6	171/209	24	0,853	0,767	0,739	0,038	0,134	0,101	2,232
ETH3	103/154	43	0,758	0,683	0,670	0,020	0,116	0,099	2,287
INRA37	110/150	30	0,726	0,663	0,602	0,091	0,170	0,087	2,636
MM12	101/190	26	0,775	0,700	0,673	0,039	0,132	0,097	2,319
ETH185	212/341	47	0,805	0,731	0,701	0,040	0,129	0,092	2,457
TGLA2 27	59/107	38	0,881	0,814	0,797	0,020	0,095	0,076	3,025
TGLA1 22	99/184	32	0,806	0,740	0,719	0,028	0,108	0,082	2,791
TGLA5 3	121/191	32	0,886	0,807	0,735	0,090	0,171	0,089	2,550
INRA63	157/189	22	0,654	0,596	0,567	0,048	0,133	0,089	2,544
INRA5	96/177	41	0,636	0,585	0,563	0,037	0,116	0,081	2,824
ETH225	107/159	39	0,790	0,724	0,691	0,046	0,126	0,083	2,748
ILSTS5	147/351	43	0,478	0,424	0,397	0,063	0,169	0,113	1,956
HEL5	141/209	45	0,813	0,719	0,678	0,058	0,167	0,116	1,904
HEL1	91/167	22	0,732	0,663	0,627	0,054	0,144	0,095	2,376
INRA35	49/124	20	0,464	0,417	0,272	0,347	0,413	0,101	2,215
ETH152 9	104/119	49	0,736	0,674	0,642	0,048	0,128	0,085	2,706
ETH10	128/299	20	0,758	0,649	0,603	0,071	0,205	0,144	1,488
INRA32	152/204	25	0,719	0,636	0,603	0,052	0,162	0,115	1,921
BM2113	122/156	27	0,870	0,788	0,763	0,031	0,122	0,094	2,413
BM1824	89/197	21	0,765	0,697	0,683	0,020	0,106	0,088	2,597
HEL13	138/294	46	0,647	0,559	0,514	0,080	0,205	0,136	1,589
BM1818	248/361	45	0,703	0,650	0,604	0,070	0,142	0,077	3,018
ILSTS6	260/498	52	0,810	0,726	0,694	0,045	0,143	0,103	2,187
CSRM6 0	79/295	21	0,758	0,687	0,649	0,056	0,144	0,094	2,421
ETH185	140/340	46	0,804	0,728	0,681	0,065	0,154	0,095	2,395



HAUT2 4	102/202	49	0,816	0,739	0,707	0,042	0,133	0,095	2,385
HAUT2 7	120/192	48	0,790	0,708	0,622	0,122	0,213	0,103	2,166
TGLA1 26	87/133	35	0,733	0,669	0,643	0,038	0,123	0,088	2,598
SPS115	219/293	40	0,634	0,587	0,559	0,047	0,119	0,075	3,089
	/	/							
	/	/				0,060	0,150	0,096	2,415
						0,010	0,010	0,003	0,068

### Taille de locus

La taille de la plupart des locus est dispersé présent un intervalle plus ouvert par rapport d'autre locus qui une petit taille(ETH225)

Hétérozygotie observée (HO) et attendue (HE) ET HT:

- De même L'hétérozygotie observée Ho est varié entre 0,272- 0,797(INRA35, et TGLA227 chez respectivement).
- L'hétérozygotie attendue He varie entre 0,417à 0,814au locus (,INRA35et TGLA53 TGLA227respectivement (
- la diversité totale des gènes (HT) de Nei varie entre 0,464 (INRA35 ) et 0,886 (TGLA53) et0,899 (TGLA53)

### FIS FIT FST

- le FIS > 0, cela signifie que la sous population présente un déficit d'hétérozygoties elle varie entre -0,020 (TGLA22) et 0,122 (HAUT27)avec une moyenne 0,060
- La valeur FIT représente le déficit global en hétérozygoties dans les populations. Elle varie entre 0,095pour (TGLA227et 0,413pour INRA35, avec une moyenne de 0,150pour tous les loci.
- La moyenne de l'indice de fixation de chaque population (FST) est de0,096variant de 0,216pour SPS115 à 0,144pour ETH10 0,075

### • Nm : flux génétique

Les valeurs du flux génique (Nm) entre paires de populations ont en effet révélés l'existence d'importants échanges alléliques entre locus . Le flux génique est d'autant plus important que les populations sont faiblement différenciées Dans ce cas NEI estimé de moyenne 2,415il varie entre 3,089 (SPS115) et 1,488 (ETH10)

Tableau 21 : paramètres génétiques selon hauteur de garrot des bovin étudiés





Pop	N	Na	Ne	I	Ho	He	UHe	F	Na. >= 5%	No. es (<=25 %)	No. (<=50 %)
1,30 1,40 cm	41,387	4,806	2,905	1,184	0,621	0,625	0,632	0,002	3,548	0,774	1,258
1,60 cm	64,516	6,871	3,858	1,473	0,651	0,700	0,705	0,081	4,677	1,742	2,774
1,30-1,38 cm	57,000	7,032	3,431	1,391	0,639	0,670	0,676	0,050	4,387	1,774	2,839
1,35 cm 1;40cm	27,387	7,194	3,976	1,536	0,686	0,716	0,729	0,057	4,871	2,129	3,129
1,35 cm	47,032	5,806	3,308	1,317	0,600	0,659	0,666	0,091	4,161	1,000	1,677
1,40 m	43,742	7,161	3,926	1,511	0,685	0,711	0,719	0,043	4,581	1,774	2,871
1,40 à 1.70c m	48,194	6,935	3,448	1,411	0,601	0,669	0,676	0,109	4,677	1,419	2,516
1,52 cm	43,516	6,161	3,295	1,348	0,680	0,669	0,677	- 0,012	4,226	1,258	2,000
1,60 à 1,70 cm	29,581	6,290	3,808	1,446	0,628	0,699	0,711	0,100	4,903	1,194	2,194
0,92 à 1,07 cm	42,968	6,161	3,287	1,333	0,593	0,662	0,670	0,112	3,774	1,290	2,290
1,10 à 1,20 cm	48,032	9,387	4,438	1,691	0,698	0,748	0,755	0,067	5,000	3,258	4,419
1,10 A 1,25cm	44,806	6,387	3,632	1,410	0,689	0,690	0,698	0,002	4,194	1,226	2,226
1,10 cm	49,710	8,419	4,148	1,583	0,652	0,713	0,721	0,092	5,194	2,839	3,871
1,10 et 1,12 cm	60,000	7,194	3,395	1,396	0,595	0,672	0,678	0,118	4,355	1,839	2,806
1,13	29,839	12,58	4,016	1,729	0,587	0,708	0,720	0,177	4,258	2,645	3,742
1,14 a1,22cm	47,806	6,258	3,245	1,339	0,634	0,654	0,661	0,031	4,387	1,387	2,226
1,15 - 1,25 cm	14,903	4,613	2,997	1,197	0,621	0,627	0,649	0,023	3,968	0,677	1,290
1,16a1,28 cm	25,452	6,000	3,662	1,404	0,678	0,687	0,701	0,013	4,419	0,935	1,871
1,17 a 1,27cm	3,548	3,000	2,357	0,884	0,637	0,509	0,598	- 0,252	3,000	0,194	0,419
1,18 cm 1,25 cm	22,452	5,645	3,388	1,344	0,628	0,672	0,688	0,070	4,226	1,290	1,839
1,18a 1,35cm	30,032	4,677	2,699	1,117	0,590	0,590	0,600	0,006	3,677	0,516	1,129
1,20 à 1,25 cm	35,968	6,355	3,435	1,378	0,618	0,666	0,675	0,070	4,452	1,355	2,194
1,20 et 1,30 cm	33,613	6,065	3,254	1,319	0,630	0,647	0,656	0,032	4,032	1,226	2,097
1,23-1,40cm _	37,097	6,516	3,763	1,419	0,645	0,686	0,695	0,070	4,516	1,323	2,387
1,23a1,28cm	57,581	7,226	3,633	1,444	0,633	0,686	0,692	0,092	4,452	1,871	3,032
1,25 à 1;32cm	45,548	6,452	3,624	1,395	0,625	0,683	0,691	0,093	4,323	1,581	2,452
1,25-1,27 cm	43,581	6,839	3,805	1,455	0,641	0,694	0,702	0,078	4,548	1,742	2,677
1,25a1,40cm	99,355	8,258	4,238	1,563	0,658	0,720	0,724	0,091	5,000	2,452	3,710
1,26 cm 1,33cm	27,677	7,548	4,130	1,591	0,596	0,731	0,744	0,185	4,839	1,871	2,710
1,27a1,37cm	49,000	5,774	3,018	1,237	0,584	0,622	0,628	0,067	3,968	1,097	1,935
1,28 cm1,38cm	47,065	7,323	3,827	1,502	0,666	0,707	0,715	0,063	4,677	1,903	3,065
1,28 à 1,30 cm	43,129	5,613	2,833	1,201	0,548	0,612	0,620	0,109	3,452	0,677	1,161



1,29cm1,37c m	29,806	6,548	3,882	1,467	0,681	0,703	0,715	0,035	4,806	1,226	2,323
1,30 a 1,40 cm	43,161	6,484	3,565	1,416	0,631	0,686	0,694	0,080	4,387	1,548	2,516
1,30 a 1,40 cm	47,710	6,935	3,817	1,458	0,645	0,697	0,704	0,081	4,613	1,613	2,677
1,30 à 1,65 m	47,484	7,742	3,846	1,525	0,614	0,703	0,711	0,130	4,613	2,516	3,452
1,30 cm	163,58 l	9,806	4,361	1,632	0,620	0,736	0,739	0,163	4,806	3,548	4,806
1,30 à 1,40 cm	49,387	7,290	4,048	1,528	0,663	0,719	0,727	0,077	5,032	1,806	2,903
1,30 cm	50,000	7,129	4,006	1,514	0,683	0,719	0,726	0,047	4,839	1,806	2,871
1,30 cm	33,258	16,06 5	6,112	2,078	0,591	0,795	0,807	0,274	4,742	1,323	2,226
1,30 cm 1,35c m	43,903	6,774	3,859	1,480	0,665	0,708	0,716	0,061	4,548	1,355	2,387
1,30 cm a1,35 cm	49,516	7,194	3,483	1,392	0,590	0,654	0,660	0,100	4,484	1,774	2,806
1,30 cm1,40c m	58,226	7,000	3,464	1,412	0,661	0,673	0,679	0,025	4,548	1,742	2,645
1,30 m a 1,35 m ;	42,161	7,194	3,934	1,498	0,648	0,713	0,722	0,094	4,484	2,032	3,065
1,30 m1,35cm	62,387	6,419	3,344	1,332	0,545	0,652	0,658	0,179	3,935	1,355	2,194
1,30-1,35 cm	24,129	6,065	3,441	1,358	0,638	0,663	0,677	0,050	4,194	1,129	1,968
1,30-1,40 cm	31,839	6,000	3,322	1,335	0,657	0,665	0,676	0,016	4,000	1,226	1,871
1,31a1,43cm	31,935	6,194	3,754	1,426	0,626	0,695	0,706	0,098	4,323	1,258	2,161
1,32a1,42cm	95,194	8,129	3,981	1,543	0,675	0,719	0,723	0,065	4,581	2,516	3,742
1,32a1,45cm	41,419	7,097	3,973	1,517	0,628	0,712	0,721	0,120	4,742	1,710	2,710
1,35 - 1,40cm	56,290	7,355	3,718	1,468	0,630	0,694	0,701	0,105	4,419	1,806	2,839
1,35 - 1,45 cm	123,67 7	9,613	3,982	1,573	0,666	0,715	0,718	0,076	4,387	3,355	4,613
1,35 à 1,48 cm	358,67 7	10,29 0	4,255	1,610	0,636	0,728	0,729	0,127	4,710	3,806	5,065
1,35 à 1,50 cm	99,452	9,355	4,084	1,573	0,623	0,717	0,721	0,131	4,742	2,484	3,710
1,35 a 1,45 cm	34,516	5,774	3,484	1,380	0,664	0,690	0,700	0,043	4,226	1,065	1,774
1,35 cm 1,45cm	31,677	11,22 6	4,845	1,785	0,624	0,755	0,768	0,181	4,548	1,774	2,839
1,35 à 1,50 cm	49,903	7,000	3,743	1,437	0,634	0,681	0,687	0,071	4,710	1,581	2,742
1,35 à 1,50 cm	48,677	7,194	3,850	1,487	0,674	0,701	0,708	0,044	4,677	1,677	2,871
1,35 cm1,45c m	40,516	5,742	3,316	1,302	0,598	0,659	0,668	0,095	3,871	1,129	1,806
1,35 m 1,40cm	47,355	6,387	3,520	1,392	0,635	0,678	0,686	0,066	4,516	1,258	2,226
1,35-1,40 cm	85,065	7,613	4,080	1,518	0,683	0,715	0,719	0,042	4,871	2,065	3,226
1,35a1,45 m	46,097	7,226	4,142	1,527	0,674	0,719	0,727	0,067	4,677	1,774	2,677
1,35cm	47,226	7,161	3,800	1,472	0,665	0,699	0,707	0,056	4,581	1,710	2,806
1,38 cm 1,45	45,581	6,774	3,729	1,458	0,663	0,691	0,699	0,041	4,871	1,516	2,581
1,38 cm1,47c m	39,581	6,484	3,575	1,430	0,693	0,694	0,702	0,007	4,677	1,452	2,387
1,39a1,44cm	22,613	5,839	3,386	1,354	0,661	0,669	0,684	0,015	4,097	0,903	1,774



1,40 et 1,30 cm	26,903	6,258	3,536	1,388	0,644	0,669	0,682	0,037	4,548	1,323	2,226
1,40 et 1,45 cm	46,419	7,161	3,683	1,456	0,643	0,689	0,697	0,073	4,516	1,806	2,903
1,40 m	18,258	5,774	3,445	1,380	0,676	0,676	0,696	0,008	4,677	1,226	1,968
1,40 à 1,45cm	49,935	7,161	4,055	1,513	0,637	0,716	0,723	0,114	4,806	1,903	2,903
1,40 à 1,50 cm	109,677	8,935	4,095	1,583	0,681	0,724	0,727	0,062	4,710	2,968	4,194
1,40 m	179,226	8,677	3,654	1,481	0,652	0,697	0,699	0,066	4,419	2,839	4,032
1,44 à 1,47	40,774	6,935	4,100	1,532	0,695	0,722	0,731	0,044	4,581	1,613	2,742
1,44 a 1,47	1,000	1,742	1,742	0,514	0,742	0,371	0,742	- 1,000	1,742	0,258	0,452
1,44 à 1,47	1,000	1,581	1,581	0,402	0,581	0,290	0,581	- 1,000	1,581	0,065	0,194
1,44 a 1,47	1,000	1,774	1,774	0,537	0,774	0,387	0,774	- 1,000	1,774	0,161	0,226
1,44a1,55cm	48,742	6,484	3,550	1,408	0,575	0,684	0,691	0,162	4,355	1,032	2,000
1,44cm	50,839	5,645	2,792	1,177	0,543	0,598	0,604	0,096	3,548	0,871	1,613
1,45 à 1,65 cm	54,194	6,097	3,347	1,345	0,588	0,665	0,671	0,122	4,065	1,194	2,065
1,45 A1,60 cm	49,452	8,290	4,317	1,619	0,632	0,731	0,738	0,143	4,968	2,710	3,742
1,45 a 1,40m	45,935	5,839	3,113	1,246	0,542	0,621	0,628	0,132	3,903	1,000	1,871
1,45 cm 1,50cm	46,806	8,065	4,233	1,603	0,707	0,739	0,747	0,046	4,806	2,194	3,355
1,45-1,65 cm	192,452	7,806	3,761	1,464	0,636	0,703	0,704	0,098	4,258	2,290	3,419
1,45cm	42,774	6,032	3,268	1,344	0,638	0,665	0,672	0,042	4,161	0,935	1,903
1,47a1,63cm	180,387	11,226	4,475	1,700	0,661	0,749	0,751	0,118	4,710	4,097	5,355
1,49cm	39,452	6,839	4,076	1,513	0,680	0,718	0,727	0,059	4,903	1,613	2,613
1,50 - 1,58 cm	96,806	8,032	4,065	1,543	0,659	0,712	0,716	0,077	4,839	2,323	3,548
1,50 à 1,60cm	35,032	7,645	3,948	1,543	0,666	0,711	0,721	0,074	4,774	2,226	3,258
1,50 cm	49,710	4,806	2,405	0,991	0,482	0,529	0,534	0,101	3,065	1,129	1,677
1,54 cm	47,742	7,226	4,051	1,543	0,638	0,727	0,735	0,126	4,903	1,903	2,968
1,55 a 1,65cm	51,323	7,194	3,615	1,441	0,613	0,681	0,687	0,099	4,516	1,806	2,839
1,60 a 1,65cm	46,000	7,065	3,841	1,463	0,658	0,690	0,698	0,047	4,452	1,710	2,871
1,60cm	46,839	7,000	4,058	1,500	0,698	0,707	0,715	0,020	4,710	1,742	2,806
1.20a 1.40cm	48,290	7,613	3,910	1,530	0,647	0,713	0,720	0,095	4,677	1,935	3,032
1.44 a1.55cm	47,419	6,323	3,531	1,389	0,623	0,680	0,688	0,086	4,290	1,516	2,226
1,30 cm 1,50 cm	49,290	8,839	4,369	1,634	0,662	0,735	0,743	0,104	4,871	2,387	3,581
Mean	54,242	6,976	3,655	1,417	0,640	0,677	0,697	0,052			
Se	0,846	0,056	0,027	0,008	0,003	0,003	0,003	0,004			



### Nombre allélique

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

D'après les résultats obtenus pour les 96 HG des bovin étudiées, on remarque que le nombre d'allèles par HG bovin varie de 1,581 à 16,065 avec une moyenne de 5,204 elle est plus élevée chez les bovin à HG 1,30 cm kg avec 16,065 suivis par les bovin (1,13) avec 12,581

le plus faible nombre moyen d'allèles a été enregistré chez les bovin 1,44 cm 1,47 g suivi par 1,581 cm ET 1,742 cm 1,747 avec (1,44) respectivement, ceci peut être expliqué par la taille des échantillons

### Nombre efficace d'allèles ( $A_e$ )

Le nombre efficace d'allèles ( $N_e$ ) est défini comme l'inverse de la probabilité que deux marqueurs, pris au hasard, présentent le même allèle (Rognon et Verrier, 2007).

Le nombre d'allèles efficaces ( $A_e$ ) pour la population bovine est de moyenne 3,6554 Il varie de 0,806 pour les bovin (1,38 cm 1,89) et 1,419 (1,38 cm 1,49) (1,38 cm 1,57)

présentent de faibles taux en matière du nombre efficace d'allèles et les HG les plus efficace les bovin 1,30 cm (6,112) et 1,35 cm 1,45 cm (4,845), 1,47 à 1,63 cm (4,475).

### L'indice de Shannon (I)

L'indice de Shannon permet d'exprimer la diversité spécifique de chaque intert du bovin. Il varie entre les bovin 1,44 à 1,47 cm (0,402) et les bovin 1,30 cm (2,078) Au moyen la biodiversité est 1,103

### L'hétérozygotie observée et attendue

Le tableau résume les différents taux d'hétérozygotie observé ( $H_{obs}$ ), attendu ( $H_e$ ) et non biaisé ( $H_{nb}$ ) calculés grâce au logiciel GenALEX 6.5 (Peakall et Smouse 2006, 2012) pour les 31 microsatellites analysés.

Le plus faible taux d'hétérozygotie non biaisé enregistré est évidemment celui des bovin à faibles effectifs, il s'agit des bovin 1,38 cm 1,89 (0,839) tandis que le taux le plus important est celui de les bovin 1,38 cm 1,78 (0,807) qui présente la plus importante diversité génétique, parmi les 152 HG des bovin étudiées, avec une moyenne 0,674

nous observons que le taux moyenne d'hétérozygote attendu observe ( $H_e$ ) varie entre les bovin 1,38 cm 1,89 (0,113) et bovin 1,30 cm (0,795) par contre taux moyenne d'hétérozygote observe ( $H_o$ ) varie entre les bovin 1,38 cm 1,89 (0,226) et les bovin 1,38 cm 1,78 (0,839) avec une moyenne total 0,636 qui présente un excès d'hétérozygote dans la population confirmé par les valeurs négatives de l'indice de fixation  $f$  avec la moyenne -0,186



## Équilibre de Hardy Weinberg

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

(P value) estimées en utilisant la méthode de chaîne de Markov (Guo et Thompson, 1992), ainsi, après une correction de Bonferroni (P-value inférieures à  $\alpha = 0.001$ , cette correction consiste à diviser ( $\alpha = 0.05$ ) par le nombre de facteurs analysés : dans ce cas les 31 microsatellites étudiés plus les 3 CARACTERE ).

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

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

### a. Test d'excès d'hétérozygoties

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

### b. Test de déficit en hétérozygoties

À l'échelle du test global, les résultats indiquent que 10 populations sur les 12 étudiées présentent un déficit en hétérozygoties (107RACE),

En analysant les résultats du test de déficit d'hétérozygote sur l'ensemble des populations pour chaque marqueur, nous observons que 27 loci : HEL9 ETH3 INRA37

MM12 ETH185 TGLA122 TGLA53 INRA63 INRA5 ETH225 HEL5 HEL1 INRA35  
ETH152 ETH10 INRA32 BM2113 BM1824 HEL13 BM1818 ILSTS6 CSRM60 ETH185  
HAUT24 HAUT27 TGLA126 SPS115

présentent un écart significatif à l'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW), pour le reste des marqueurs (04) INRA23 ET CSSM66 TGLA227 ILSTS5 les valeurs de P sont supérieures à  $\alpha = 0,003333$  ce qui montre l'absence de déficit en hétérozygotie.

Ce déficit trouvé chez 27 loci sur 31 (environ 80 %), augmente probablement un risque génétique, en fait, les différentes régions du génome ne réagissant pas de la même manière face aux différentes forces évolutives, la proximité ou la liaison fonctionnelle d'un marqueur



par rapport à une région importante du génome diminuerait sa probabilité à évoluer est donc sa variabilité génétique (Gaouar, 2009).

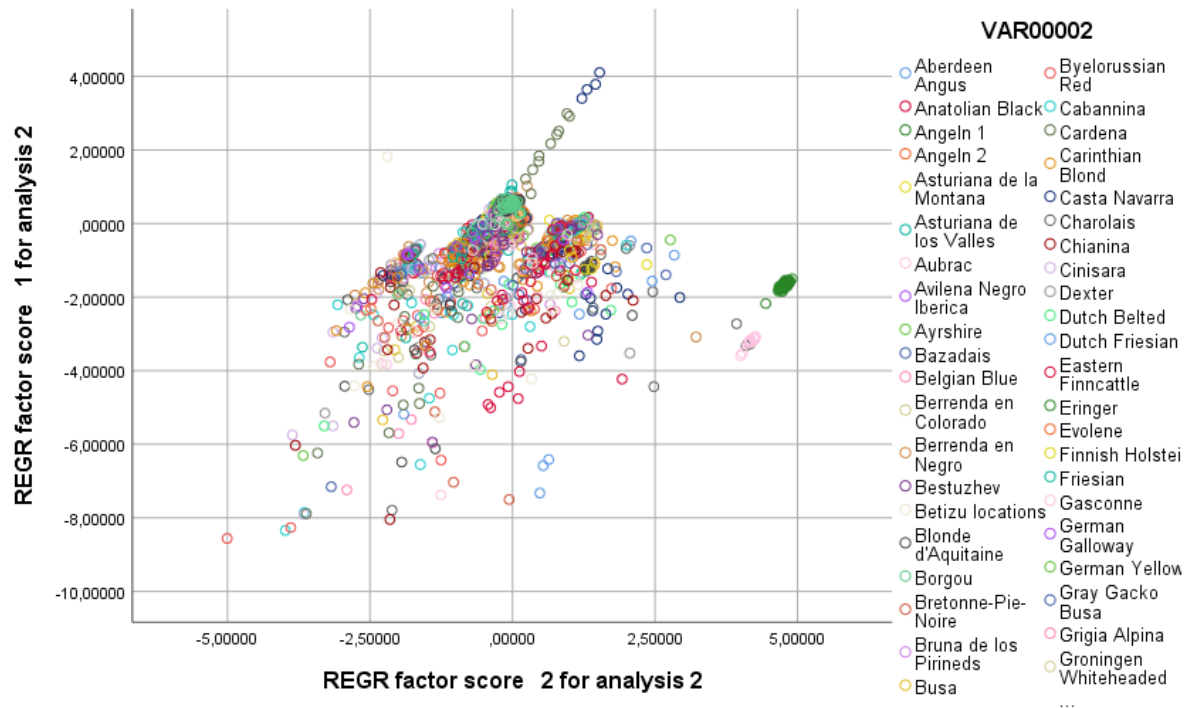


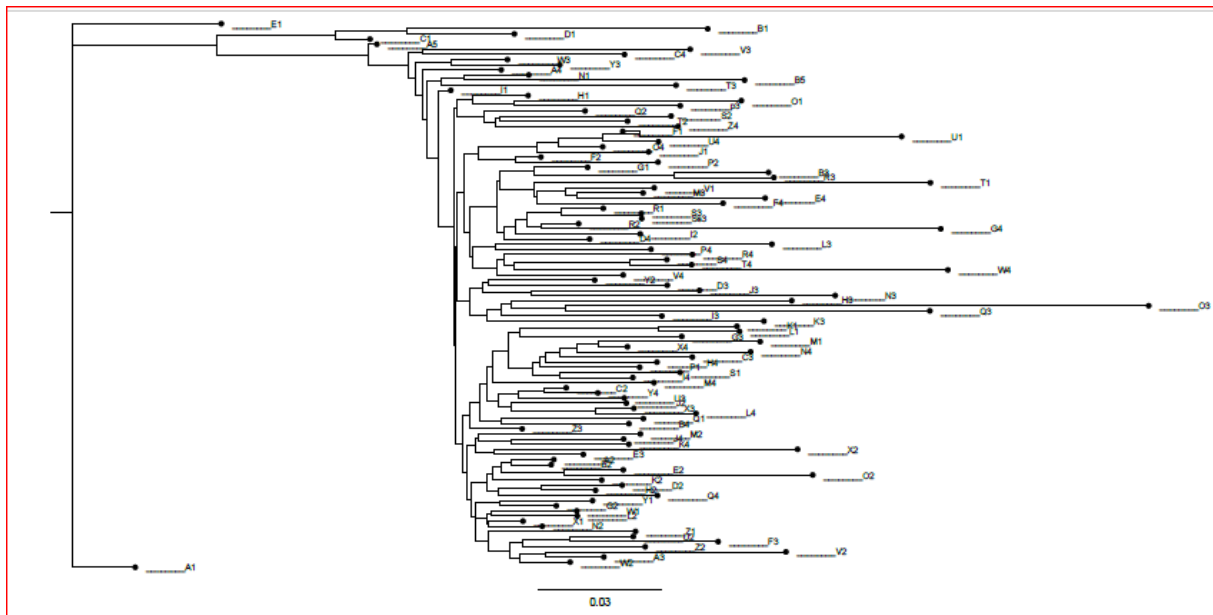
Figure 27 : graphe de dispersion des races bovin

Les résultats de la dispersion des individus sont illustrés dans la figure en utilisant l'analyse de correspondance multiple des variables étudiées en fonction de la race. La distribution des races est chevauchée entre elles. D'un autre côté, on observe des races casta navarra et anatonlina black, tandis que d'autres races sont plus concentrées individuellement. De la même manière, on observe un regroupement des races concentrées ensemble, qui regroupe la plupart des races en raison de leur situation géographique

### Classification des races bovines

Le dendrogramme UPGAM représente une analyse phylogénétique des races bovines. Les branches de l'arbre sont disposées de manière à suggérer que les races présentées sont étroitement apparentées. La longueur des branches représente la distance entre les races. et les branches sont longues, sont les races éloignées les unes des autres sur le plan génétique

Nous avons utilisé ce représentation graphique pour montrer que la race A1 (ou E1) est classée distinctement par rapport aux autres races. Cependant, nous observons une division en deux classes principales : la première classe (C1, D1, et B1) et la seconde classe qui englobe le reste de la population, subdivisée en 5 sous-classes distinctes. Nos résultats démontrent que les races les plus proche a la ligne verticale sont génétiquement plus pures que celles plus éloignées, que l'on pourrait considérer comme des sous-races.



**Figure 28 :relation phylogénétique des races bovines**

En raison de limitations de l’utile informatique puissant pour faire analyse de ensemble de population par logiciel (stucture, havester) nous avons compilé des caractéristiques descriptives et des résultats de génotypage par race, utilisant une petit approche statistique a l’aide le logiciel SPSS.

La classification ascendante hiérarchique a été réalisée en utilisant la méthode d'agrégation par distance euclidienne. Qui a permis de visualiser trois grandes classes : la première classe inclut la race Anglen1, la deuxième classe regroupe les races Cabannina, Bretonne-Pie-Noire, et Hinterwael, et la troisième classe se subdivise en six sous-classes distinctes qui regroupe tous les reste des population étudié

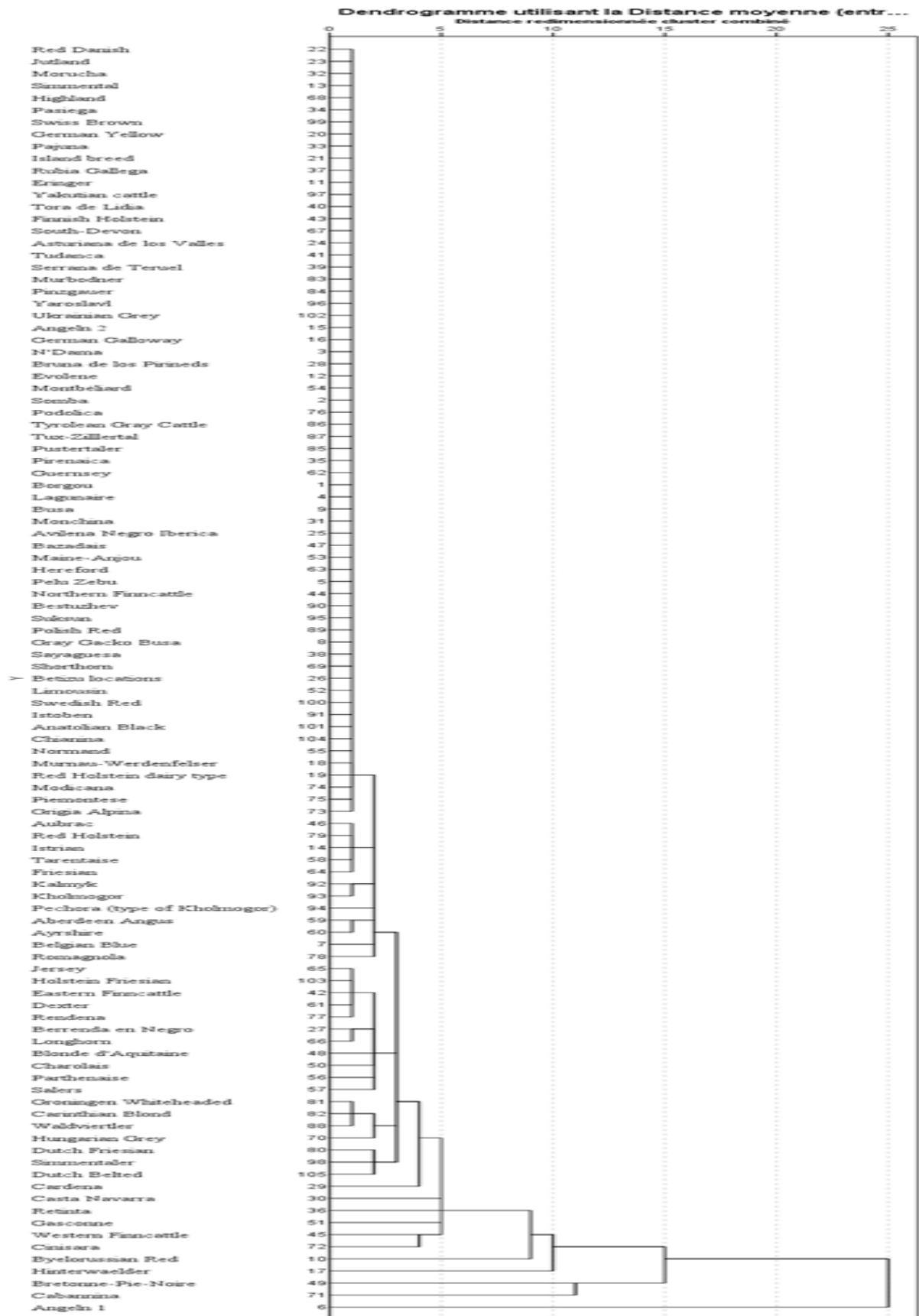


Figure 29 : La classification ascendante hiérarchique par distance euclidienne des races bovines





### Déséquilibre de liaison

Le tableau 22 présente les résultats de déséquilibre de liaison de manière claire et structurée, avec la correction de Bonferroni. Nous avons observé 136 associations entre les caractères (ou traits) et les loci dans la population de format

- ellipométrique. 58 cas de déséquilibres d'association ont été identifiés pour les paires de loci Pour la population
- eumétrique, 44 cas de déséquilibres d'association ont été identifiés pour les paires de loci Pour la population
- hypermétrique, 34 cas de déséquilibres d'association ont été identifiés pour les paires de locus Pour la population

nous avons appliqué une correction de Bonferroni avec un seuil de significativité (alpha) de 0,001.(0,05 /33)

En appliquant cette correction, tous les résultats obtenus sont très significatifs. Cela suggère fortement qu'il existe une relation entre les caractères étudiés et les microsatellites ou locus génétiques examinés dans chaque population.

Les nombres élevés d'associations observées dans chaque population, malgré la correction de Bonferroni rigoureuse, indiquent que les caractères étudiés sont étroitement liés aux locus génétiques analysés. Cela implique que les variations dans ces caractères pourraient être influencées par les variations génétiques aux locus microsatellites.

La correction de Bonferroni est une méthode stricte pour contrôler le taux d'erreur de type I dans les tests multiples. Le fait que toutes les associations restent significatives après cette correction renforce la validité et la robustesse des résultats.

, les résultats indiquent fortement une relation entre les caractères étudiés et les microsatellites dans chaque population, ce qui souligne l'importance de la génétique dans la détermination des variations phénotypiques observées.

**Tableau 22: les résultats de déséquilibre de liaison de population format**

POP	LOcus#1	Locus#2	P-Value	$\alpha = 0.001$
<b>Ellipométrique</b>	FORMAT	CORNE	0.000000	58
	FORMAT	INRA23	0.000000	
	CORNE	INRA23	0.000000	
	FORMAT	HEL9	0.000000	
	CORNE	HEL9	0.000140	
	INRA23	HEL9	0.000000	
	FORMAT	CSSM66	0.000000	
	CORNE	CSSM66	0.000000	
	FORMAT	ETH3	0.000000	
	CORNE	ETH3	0.000000	
	CSSM66	ETH3	0.000000	



FORMAT	INRA37	0.000000	
CORNE	INRA37	0.000000	
CSSM66	INRA37	0.000000	
FORMAT	MM12	0.000000	
CORNE	MM12	0.000000	
CSSM66	MM12	0.000000	
FORMAT	ETH185	0.000000	
CORNE	ETH185	0.000000	
FORMAT	TGLA227	0.000000	
CORNE	TGLA227	0.000000	
FORMAT	TGLA122	0.000000	
CORNE	TGLA122	0.000000	
FORMAT	TGLA53	0.000000	
CORNE	TGLA53	0.000000	
FORMAT	INRA63	0.000000	
CORNE	INRA63	0.000000	
FORMAT	INRA5	0.000000	
CORNE	INRA5	0.000000	
FORMAT	ETH225	0.000000	
CORNE	ETH225	0.000000	
FORMAT	ILSTS5	0.000000	
CORNE	ILSTS5	0.000000	
FORMAT	HEL5	0.000000	
CORNE	HEL5	0.000010	
FORMAT	HEL1	0.000000	
CORNE	HEL1	0.000000	
CORNE	INRA35	0.000000	
FORMAT	ETH152	0.000000	
CORNE	ETH152	0.000000	
FORMAT	INRA32	0.000000	
CORNE	INRA32	0.000000	
FORMAT	BM2113	0.000000	
CORNE	BM2113	0.000000	
FORMAT	BM1824	0.000000	
CORNE	BM1824	0.000000	
FORMAT	HEL13	0.000000	
CORNE	HEL13	0.000000	
FORMAT	BM1818	0.000000	
CORNE	BM1818	0.000000	
FORMAT	ILSTS6	0.000000	
FORMAT	HAUT24	0.000000	
CORNE	HAUT24	0.000000	
FORMAT	HAUT27	0.000000	
CORNE	HAUT27	0.000000	



	FORMAT	TGLA126	0.000000	
	FORMAT	SPS115	0.000000	
	CORNE	SPS115	0.000000	
<b>Eumétrique</b>	FORMAT	INRA23	0.000000	44
	CORNE	INRA23	0.000000	
	FORMAT	HEL9	0.000000	
	FORMAT	ETH3	0.000000	
	FORMAT	MM12	0.000000	
	FORMAT	ETH185	0.000000	
	CORNE	ETH185	0.000000	
	FORMAT	TGLA227	0.000000	
	FORMAT	TGLA122	0.000000	
	CORNE	TGLA122	0.000210	
	FORMAT	INRA63	0.000000	
	CORNE	INRA63	0.001110	
	FORMAT	INRA5	0.000000	
	FORMAT	ETH225	0.000000	
	FORMAT	ILSTS5	0.000000	
	FORMAT	HEL5	0.000000	
	FORMAT	HEL1	0.000000	
	FORMAT	INRA35	0.000000	
	FORMAT	TGLA122	0.000000	
	CORNE	TGLA122	0.000210	
	FORMAT	INRA63	0.000000	
	CORNE	INRA63	0.001110	
	FORMAT	INRA5	0.000000	
	FORMAT	ETH225	0.000000	
	FORMAT	ETH152	0.000000	
	CORNE	ETH152	0.000330	
	FORMAT	ETH10	0.000000	
	CORNE	ETH10	0.000000	
	FORMAT	INRA32	0.000000	
	CORNE	INRA32	0.001900	
	FORMAT	BM2113	0.000000	
	CORNE	BM2113	0.000000	
	FORMAT	BM1824	0.000000	
	FORMAT	HEL13	0.000000	
	FORMAT	BM1818	0.000000	
	CORNE	BM1818	0.000000	
	FORMAT	ILSTS6	0.000000	
	CORNE	ILSTS6	0.000000	
	FORMAT	ETH185	0.000000	
	CORNE	ETH185	0.000000	
FORMAT	HAUT24	0.000000		



	FORMAT	HAUT27	0.000000	
	CORNE	HAUT27	0.000000	
	FORMAT	TGLA126	0.000000	
<b>Hypermetrique</b>	FORMAT	INRA23	0.000000	34
	FORMAT	HEL9	0.000000	
	FORMAT	CSSM66	0.000000	
	FORMAT	ETH3	0.000000	
	FORMAT	INRA37	0.000000	
	FORMAT	MM12	0.000000	
	FORMAT	ETH185	0.000000	
	CORNE	ETH185	0.000000	
	FORMAT	TGLA122	0.000000	
	CORNE	TGLA122	0.000000	
	FORMAT	INRA63	0.000010	
	CORNE	ILSTS5	0.000230	
	CORNE	HEL1	0.000130	
	FORMAT	INRA35	0.000020	
	CORNE	ETH152	0.000000	
	FORMAT	ETH10	0.000000	
	CORNE	ETH10	0.000000	
	FORMAT	INRA32	0.000000	
	FORMAT	BM2113	0.000000	
	CORNE	BM2113	0.001960	
	FORMAT	BM1824	0.000000	
	CORNE	BM1824	0.000000	
	FORMAT	BM1818	0.000000	
	FORMAT	ILSTS6	0.000000	
	CORNE	ILSTS6	0.000000	
	FORMAT	CSRM60	0.000000	
	CORNE	CSRM60	0.000000	
	FORMAT	ETH185	0.000000	
	CORNE	ETH185	0.000000	
	FORMAT	HAUT24	0.000000	
	FORMAT	HAUT27	0.000000	
	CORNE	HAUT27	0.000000	
	FORMAT	TGLA126	0.000000	
	CORNE	SPS115	0.000440	

Pour analyser les résultats du tableau 23 de déséquilibre de liaison de manière claire et structurée, avec la correction de bonferroni. Nous avons observé 178 associations entre les caractères (ou traits) et les locus dans la population de PROFIL détaillée par groupe de populations (bréviligne, longiligne, midioligne):



Population briviligne :59cas de déséquilibres d'association ont été identifiés pour les paires de loci Pour la population

Population longiligne :58cas de déséquilibres d'association ont été identifiés pour les paires de loci Pour la population

Population midioligne :61cas de déséquilibres d'association ont été identifiés pour les paires de loci Pour la population

:On observe une variété de p-values, allant de 0.000000 à des valeurs plus élevées comme 0.908120 pour INRA5, suggérant à nouveau des différences génétiques significatives mais variables entre les locus.

Les populations briviligne et midioligne montrent généralement des différences génétiques plus marquées (p-values plus basses), indiquant des distinctions claires entre les différents locus.

La population longiligne montre des différences génétiques moins prononcées selon certains locus, bien que significatives, avec des p-values légèrement plus élevées.

Les p-values élevées dans certains cas comme ETH225 pour longiligne et INRA5 pour midioligne) suggèrent une similarité génétique entre certains locus pour ces populations.

Cette analyse met en lumière les différences génétiques significatives entre les différents locus pour chaque population étudiée. Ces résultats sont cruciaux pour comprendre la diversité génétique et les relations évolutives au sein de ces populations. Les p-values faibles indiquent des différences qui ne sont probablement pas dues au hasard, mais plutôt à des facteurs génétiques ou environnementaux spécifiques à chaque population.

**Tableau 23:les résultats de déséquilibre de liaison de population profil**

Pop	locus1	locus2	P-VALUE
<b>Bréviligne</b>	PROFIL	CORNE	0.000000
	PROFIL	INRA23	0.000000
	CORNE	INRA23	0.000000
	PROFIL	HEL9	0.000000
	CORNE	HEL9	0.000000
	PROFIL	CSSM66	0.000000



	CORNE	CSSM66	0.000000
	PROFIL	ETH3	0.000000
	CORNE	ETH3	0.000000
	PROFIL	ETH185	0.000000
	CORNE	ETH185	0.000000
	PROFIL	TGLA227	0.000000
	CORNE	TGLA227	0.000000
	PROFIL	TGLA122	0.000000
	CORNE	TGLA122	0.000000
	PROFIL	TGLA53	0.000000
	CORNE	TGLA53	0.000000
	PROFIL	INRA63	0.000000
	CORNE	INRA63	0.000000
	PROFIL	INRA5	0.000000
	CORNE	INRA5	0.000000
	PROFIL	ETH225	0.000000
	CORNE	ETH225	0.000000
	PROFIL	ILSTS5	0.000000
	CORNE	ILSTS5	0.000000
	PROFIL	HEL5	0.000000
	CORNE	HEL5	0.004238
	PROFIL	HEL1	0.000000
	CORNE	HEL1	0.000000
	PROFIL	INRA35	0.000000
	CORNE	INRA35	0.000805
	PROFIL	ETH152	0.000000



	CORNE	ETH152	0.000000
	PROFIL	INRA32	0.000000
	CORNE	INRA32	0.000000
	PROFIL	BM2113	0.000000
	CORNE	BM2113	0.000000
	PROFIL	BM1824	0.000000
	CORNE	BM1824	0.000000
	PROFIL	HEL13	0.000000
	CORNE	HEL13	0.000000
	PROFIL	BM1818	0.000000
	CORNE	BM1818	0.000000
	PROFIL	ILSTS6	0.000000
	CORNE	ILSTS6	0.000000
	PROFIL	CSRM60	0.000000
	CORNE	CSRM60	0.001612
	PROFIL	ETH185	0.000000
	CORNE	ETH185	0.000000
	PROFIL	HAUT24	0.000000
	CORNE	HAUT24	0.000000
	PROFIL	HAUT27	0.000000
	CORNE	HAUT27	0.000000
	PROFIL	SPS115	0.000000
	CORNE	SPS115	0.000000
<b>Longiligne</b>	PROFIL	CORNE	0.001170
	PROFIL	INRA23	0.000000
	CORNE	INRA23	0.000000



	PROFIL	HEL9	0.051410
	CORNE	HEL9	0.000000
	PROFIL	CSSM66	0.051730
	CORNE	CSSM66	0.000000
	PROFIL	ETH3	0.002950
	CORNE	ETH3	0.003880
	CORNE	INRA37	0.000000
	PROFIL	MM12	0.042740
	CORNE	MM12	0.000000
	PROFIL	ETH185	0.000000
	CORNE	ETH185	0.000000
	PROFIL	TGLA227	0.000000
	CORNE	TGLA227	0.005730
	PROFIL	TGLA122	0.020990
	CORNE	TGLA122	0.000000
	PROFIL	TGLA53	0.011000
	CORNE	TGLA53	0.000000
	PROFIL	INRA63	0.088840
	CORNE	INRA63	0.000650
	PROFIL	INRA5	0.177820
	CORNE	INRA5	0.000000
	PROFIL	ETH225	0.561350
	CORNE	ETH225	0.000000
	PROFIL	ILSTS5	0.088370
	CORNE	ILSTS5	0.000000
	PROFIL	HEL5	0.000000





	CORNE	HEL5	0.000000
	PROFIL	HEL1	0.275310
	CORNE	HEL1	0.000000
	PROFIL	INRA35	0.063140
	CORNE	INRA35	0.000000
	PROFIL	ETH152	0.001250
	CORNE	ETH152	0.000000
	PROFIL	INRA32	0.000000
	CORNE	INRA32	0.000000
	PROFIL	BM2113	0.000000
	CORNE	BM2113	0.000000
	PROFIL	BM1824	0.000000
	CORNE	BM1824	0.000000
	PROFIL	HEL13	0.000940
	CORNE	HEL13	0.000000
	PROFIL	BM1818	0.036680
	CORNE	BM1818	0.015270
	PROFIL	ILSTS6	0.464530
	CORNE	ILSTS6	0.000000
	PROFIL	CSRM60	0.000000
	CORNE	CSRM60	0.002610
	PROFIL	ETH185	0.000000
	CORNE	ETH185	0.000000
	PROFIL	HAUT24	0.006020
	CORNE	HAUT24	0.000310
	PROFIL	HAUT27	0.000000



	CORNE	HAUT27	0.071990
	PROFIL	SPS115	0.000000
	CORNE	SPS115	0.056430
<b>midioligne</b>	PROFIL	CORNE	0.000000
	PROFIL	INRA23	0.000000
	CORNE	INRA23	0.000000
	PROFIL	HEL9	0.000000
	CORNE	HEL9	0.009450
	PROFIL	CSSM66	0.000000
	CORNE	CSSM66	0.000000
	PROFIL	ETH3	0.000000
	CORNE	ETH3	0.453890
	PROFIL	INRA37	0.000000
	CORNE	INRA37	0.000000
	PROFIL	MM12	0.000000
	CORNE	MM12	0.000320
	PROFIL	ETH185	0.000300
	CORNE	ETH185	0.021470
	PROFIL	TGLA227	0.000830
	CORNE	TGLA227	0.039360
	PROFIL	TGLA122	0.000000
	CORNE	TGLA122	0.000000
	PROFIL	TGLA53	0.000000
	CORNE	TGLA53	0.150850
	PROFIL	INRA5	0.000000
CORNE	INRA5	0.908120	



	PROFIL	ETH225	0.000000
	CORNE	ETH225	0.000090
	PROFIL	ILSTS5	0.000000
	CORNE	ILSTS5	0.269480
	PROFIL	HEL5	0.000000
	CORNE	HEL5	0.001550
	PROFIL	HEL1	0.000000
	CORNE	HEL1	0.029610
	PROFIL	INRA35	0.000000
	CORNE	INRA35	0.128190
	PROFIL	ETH152	0.000000
	CORNE	ETH152	0.252560
	PROFIL	ETH10	0.000250
	CORNE	ETH10	0.000180
	PROFIL	INRA32	0.000000
	CORNE	INRA32	0.000690
	PROFIL	BM2113	0.000000
	CORNE	BM2113	0.000000
	PROFIL	BM1824	0.000000
	CORNE	BM1824	0.001220
	PROFIL	HEL13	0.000000
	CORNE	HEL13	0.000000
	PROFIL	BM1818	0.000000
	CORNE	BM1818	0.046980
	PROFIL	ILSTS6	0.000000
	CORNE	ILSTS6	0.000000



	PROFIL	CSRM60	0.000000
	CORNE	CSRM60	0.000000
	PROFIL	ETH185	0.001200
	CORNE	ETH185	0.000040
	PROFIL	HAUT24	0.000000
	CORNE	HAUT24	0.000000
	PROFIL	HAUT27	0.000000
	CORNE	HAUT27	0.000000
	PROFIL	TGLA126	0.000000
	CORNE	TGLA126	0.395530
	PROFIL	SPS115	0.000000
	CORNE	SPS115	0.000060

Les données fournies montrent les résultats des tests de comparaison entre deux CAS, "absence" et "présence", de cornepour différents locus génétiques (Tableau 24) avec les p-valeurs associées à chaque test avec la correction de borfoni(0,05/33)

absence 70cas de déséquilibres d'association ont été identifiés pour les paires de loci Pour la population

présence"57cas de déséquilibres d'association ont été identifiés pour les paires de loci Pour la population

Les p-valeurs sont nulles pour la plupart des comparaisons entre "absence" et "présence" pour chaque locus. Cela signifie qu'il y a une différence génétique très significative entre les groupes "absence" et "présence" pour ces locus spécifiques. Cette différence est suffisamment importante pour rejeter l'hypothèse nulle selon laquelle il n'y aurait aucune différence génétique entre les deux groupes.

Les p-valeurs nulles indiquent une forte confiance dans les résultats observés. Elles suggèrent que les variations génétiques aux locus étudiés sont associées de manière significative à la distinction entre les groupes "absence" et "présence". Cela peut être crucial pour identifier les



marqueurs génétiques liés à des caractéristiques phénotypiques ou à des traits particuliers étudiés dans cette analyse.

Les différences génétiques mises en évidence par ces résultats pourraient refléter des variations dans les séquences génétiques ou dans l'expression des gènes qui sous-tendent les différences phénotypiques observées entre les groupes "absence" et "présence"..

Conclusion :

Les résultats indiquent de manière robuste que les locus génétiques examinés présentent des différences génétiques significatives entre les groupes "absence" et "présence". Ces observations fournissent des indices précieux sur les bases génétiques des caractéristiques étudiées et peuvent orienter de futures recherches pour identifier des biomarqueurs ou des gènes candidats associés à ces différences phénotypiques.

**Tableau 24:les résultats de déséquilibre de liaisons dans la population de corne**

Pop	Locus#1	Locus#2	P-Value	$\alpha = 0.001$
<b>Absence</b>	PROFIL	FORMAT	0.000000	
	PROFIL	INRA23	0.000000	
	FORMAT	INRA23	0.000000	
	PROFIL	HEL9	0.000000	
	FORMAT	HEL9	0.000000	
	PROFIL	CSSM66	0.000000	
	PROFIL	ETH3	0.000000	
	FORMAT	ETH3	0.000000	
	PROFIL	INRA37	0.000000	
	FORMAT	INRA37	0.000000	
	PROFIL	MM12	0.000000	
	FORMAT	MM12	0.000000	
	PROFIL	ETH185	0.000000	
	FORMAT	ETH185	0.000000	
	PROFIL	TGLA227	0.000000	
	FORMAT	TGLA227	0.000000	
	PROFIL	TGLA122	0.000000	
	FORMAT	TGLA122	0.000000	
	PROFIL	TGLA53	0.000000	
	FORMAT	TGLA53	0.000000	
	PROFIL	INRA63	0.000000	
	FORMAT	INRA63	0.000000	
	PROFIL	INRA5	0.000000	
	FORMAT	INRA5	0.000000	
PROFIL	ETH225	0.000000		
FORMAT	ETH225	0.000000		



PROFIL	ILSTS5	0.000000	
FORMAT	ILSTS5	0.000000	
PROFIL	HEL5	0.000000	
FORMAT	HEL5	0.000000	
PROFIL	HEL1	0.000000	
FORMAT	HEL1	0.000000	
PROFIL	INRA35	0.000000	
FORMAT	INRA35	0.000000	
PROFIL	ETH152	0.000000	
FORMAT	ETH152	0.000000	
PROFIL	HEL5	0.000000	
FORMAT	HEL5	0.000000	
PROFIL	HEL1	0.000000	
FORMAT	HEL1	0.000000	
PROFIL	INRA35	0.000000	
FORMAT	INRA35	0.000000	
PROFIL	ETH152	0.000000	
FORMAT	ETH152	0.000000	
PROFIL	ETH10	0.000000	
FORMAT	ETH10	0.000000	
PROFIL	INRA32	0.000000	
FORMAT	INRA32	0.000000	
PROFIL	BM2113	0.000000	
FORMAT	BM2113	0.000000	
PROFIL	HEL13	0.000000	
FORMAT	HEL13	0.000000	
PROFIL	BM1818	0.000000	
FORMAT	BM1818	0.000000	
PROFIL	HEL13	0.000000	
FORMAT	HEL13	0.000000	
PROFIL	BM1818	0.000000	
FORMAT	BM1818	0.000000	
PROFIL	ILSTS6	0.000000	
FORMAT	ILSTS6	0.000000	
PROFIL	CSRM60	0.000000	
FORMAT	CSRM60	0.000000	
PROFIL	ETH185	0.000000	
FORMAT	ETH185	0.000000	
PROFIL	HAUT24	0.000000	
FORMAT	HAUT24	0.000000	
PROFIL	HAUT27	0.000000	
FORMAT	HAUT27	0.000000	
PROFIL	SPS115	0.000000	
FORMAT	SPS115	0.000000	



<b>Présence</b>	PROFIL	INRA23	0.000000	
	FORMAT	CSSM66	0.000000	
	PROFIL	ETH3	0.000000	
	FORMAT	ETH3	0.000000	
	PROFIL	MM12	0.000000	
	FORMAT	MM12	0.000000	
	PROFIL	TGLA227	0.000000	
	FORMAT	TGLA227	0.000000	
	PROFIL	TGLA122	0.000000	
	FORMAT	TGLA122	0.000000	
	PROFIL	TGLA53	0.000000	
	FORMAT	TGLA53	0.000000	
	PROFIL	INRA63	0.000000	
	FORMAT	INRA63	0.000000	
	PROFIL	INRA5	0.000000	
	FORMAT	INRA5	0.000000	
	PROFIL	ETH225	0.000000	
	FORMAT	ETH225	0.000000	
	PROFIL	ILSTS5	0.000000	
	FORMAT	ILSTS5	0.000000	
	PROFIL	HEL5	0.000000	
	FORMAT	HEL5	0.000000	
	PROFIL	HEL1	0.000000	
	FORMAT	HEL1	0.000000	
	PROFIL	INRA35	0.000000	
	FORMAT	INRA35	0.000000	
	PROFIL	ETH152	0.000000	
	FORMAT	ETH152	0.000000	
	PROFIL	ETH10	0.000000	
	FORMAT	ETH10	0.000000	
	PROFIL	INRA32	0.000000	
	FORMAT	INRA32	0.000000	
	PROFIL	BM2113	0.000000	
	FORMAT	BM2113	0.000000	
	PROFIL	BM1824	0.000000	
	FORMAT	BM1824	0.000000	
	PROFIL	HEL13	0.000000	
	FORMAT	HEL13	0.000000	
	PROFIL	BM1818	0.000000	
	FORMAT	BM1818	0.000000	
PROFIL	ILSTS6	0.000000		
FORMAT	ILSTS6	0.000070		
PROFIL	CSRM60	0.000000		
FORMAT	CSRM60	0.000000		



	PROFIL	ETH185	0.000000	
	FORMAT	ETH185	0.000000	
	PROFIL	HAUT24	0.000000	
	FORMAT	HAUT24	0.000000	
	PROFIL	HAUT27	0.000000	
	FORMAT	HAUT27	0.000000	
	PROFIL	TGLA126	0.000000	
	FORMAT	TGLA126	0.000170	
	PROFIL	SPS115	0.000000	
	FORMAT	SPS115	0.000560	

sur la base des données fournies, qui incluent des valeurs p indiquant l'importance des associations entre différentes populations et locus, le tableau présent 272 associations entre les caractères (ou traits) et les locus dans la population de intérêt (Tableau 25)

Pour la population Laitière : 96 cas de déséquilibres d'association ont été identifiés pour les paires de locus Pour la population

ILSTS6 (Locus#2) avec une valeur p de 0,000330.

Ceci suggère qu'il existe une association statistiquement significative entre la population « Laitière » et le locus ILSTS6. La faible valeur p indique qu'il est peu probable qu'une telle association soit observée s'il n'y avait pas de véritable association entre la population et le locus. Ainsi, ILSTS6 pourrait être génétiquement lié ou autrement associé à des traits ou caractéristiques spécifiques à la population « Laitière ».

Pour la population « mixte » :96 cas de déséquilibres d'association ont été identifiés pour les paires de loci Pour la population

INRA63 (Locus#2) avec une valeur p de 0,001130.

ILSTS5 (Locus#2) avec une valeur p de 0,000030.

HEL5 (Locus#2) avec une valeur p de 0,000080.

INRA35 (Locus#2) avec une valeur p de 0,000060.

Ces associations significatives indiquent que ces locus jouent probablement un rôle dans la distinction génétique ou phénotypique de la population « mixte ». Ils pourraient être associés à des traits pertinents pour les caractéristiques spécifiques ou les adaptations de la population « mixte ».





Pour la population viande :80cas de déséquilibres d'association ont été identifiés pour les paires de loci Pour la population

MM12 (Locus#2) avec une valeur p de 0,000150.

ETH185 (Locus#2) avec une valeur p de 0,009740.

TGLA122 (Locus#2) avec une valeur p de 0,005270.

TGLA53 (Locus#2) avec une valeur p de 0,000180.

INRA5 (Locus#2) avec une valeur p de 0,044300.

ILSTS5 (Locus#2) avec une valeur p de 0,090120.

HEL5 (Locus#2) avec une valeur p de 0,032800.

HEL1 (Locus#2) avec une valeur p de 0,007130.

INRA35 (Locus#2) avec une valeur p de 0,000000 (interprétée comme une signification très faible, peut-être proche de zéro).

Ces associations significatives indiquent des différences génétiques ou phénotypiques spécifiques à la population « viande ». Ces locus pourraient influencer des caractères pertinents pour la production de viande ou d'autres caractéristiques spécifiques à cette population.

Chaque population (Laitière, mixte et viande) présente des associations génétiques distinctes avec des locus spécifiques, suggérant des variations génétiques sous-jacentes qui contribuent à leur différenciation. L'importance de ces associations met en évidence des régions génomiques potentielles qui pourraient être étudiées plus en détail pour comprendre la diversité génétique et les traits adaptatifs de ces populations de bovins par contre la population combat présent 58cas ne pas significatif alors il y a pas une associations génétiques grâce a le nombre faible des individu étudié.

**Tableau 25:les résultats de déséquilibre de liaison dans la population d'intérêt**

Pop	Locus#1	Locus#2	P-Value
<b>Combat</b>	FORMAT	CORNE	No contingency table
	FORMAT	PROFIL	No contingency table
	CORNE	PROFIL	No contingency table
	CORNE	INRA23	No contingency table
	PROFIL	INRA23	No contingency table
	CORNE	HEL9	No contingency table
	PROFIL	HEL9	No contingency table
	CORNE	CSSM66	No contingency table
	PROFIL	CSSM66	No contingency table



CORNE	ETH3	No contingency table
PROFIL	ETH3	No contingency table
CORNE	INRA37	No contingency table
PROFIL	INRA37	No contingency table
CORNE	MM12	No contingency table
PROFIL	MM12	No contingency table
CORNE	ETH185	No contingency table
CORNE	TGLA227	No contingency table
PROFIL	TGLA227	No contingency table
CORNE	TGLA122	No contingency table
PROFIL	TGLA122	No contingency table
CORNE	TGLA53	No contingency table
PROFIL	TGLA53	No contingency table
CORNE	INRA63	No contingency table
PROFIL	INRA63	No contingency table
CORNE	INRA5	No contingency table
PROFIL	INRA5	No contingency table
CORNE	ILSTS5	No contingency table
PROFIL	ILSTS5	No contingency table
CORNE	HEL5	No contingency table
PROFIL	HEL5	No contingency table
CORNE	HEL1	No contingency table
PROFIL	HEL1	No contingency table
CORNE	INRA35	No contingency table
PROFIL	INRA35	No contingency table
CORNE	ETH152	No contingency table
PROFIL	ETH152	No contingency table
CORNE	ETH10	No contingency table
PROFIL	ETH10	No contingency table
CORNE	INRA32	No contingency table
PROFIL	INRA32	No contingency table
CORNE	BM2113	No contingency table
PROFIL	BM2113	No contingency table
CORNE	BM1824	No contingency table
PROFIL	BM1824	No contingency table
CORNE	HEL13	No contingency table
PROFIL	HEL13	No contingency table
CORNE	BM1818	No contingency table
PROFIL	BM1818	No contingency table
CORNE	ETH185	No contingency table
PROFIL	ETH185	No contingency table
CORNE	HAUT24	No contingency table
PROFIL	HAUT24	No contingency table
CORNE	HAUT27	No contingency table



	PROFIL	HAUT27	No contingency table
	CORNE	TGLA126	No contingency table
	PROFIL	TGLA126	No contingency table
	CORNE	SPS115	No contingency table
	PROFIL	SPS115	No contingency table
<b>Laitière</b>	FORMAT	CORNE	0.000000
	FORMAT	PROFIL	0.000000
	CORNE	PROFIL	0.000000
	FORMAT	INRA23	0.000000
	CORNE	INRA23	0.000000
	PROFIL	INRA23	0.000000
	FORMAT	HEL9	0.000000
	CORNE	HEL9	0.000000
	PROFIL	HEL9	0.000000
	FORMAT	CSSM66	0.000000
	CORNE	CSSM66	0.000000
	PROFIL	CSSM66	0.000000
	FORMAT	ETH3	0.000000
	CORNE	ETH3	0.000000
	PROFIL	ETH3	0.000000
	FORMAT	INRA37	0.000000
	CORNE	INRA37	0.000000
	PROFIL	INRA37	0.000000
	CORNE	MM12	0.000000
	PROFIL	MM12	0.000000
	FORMAT	ETH185	0.000000
	CORNE	ETH185	0.000000
	PROFIL	ETH185	0.000000
	FORMAT	TGLA227	0.000000
	CORNE	TGLA227	0.000000
	PROFIL	TGLA227	0.000000
	FORMAT	TGLA122	0.000000
	CORNE	TGLA122	0.000000
	PROFIL	TGLA122	0.000000
	FORMAT	TGLA53	0.000000
	CORNE	TGLA53	0.000000
	PROFIL	TGLA53	0.000000
	FORMAT	INRA63	0.000000
	CORNE	INRA63	0.000000
PROFIL	INRA63	0.000000	
FORMAT	INRA5	0.000200	
CORNE	INRA5	0.000000	
PROFIL	INRA5	0.000000	
FORMAT	ETH225	0.000000	



CORNE	ETH225	0.000000
PROFIL	ETH225	0.000000
FORMAT	ILSTS5	0.009890
CORNE	ILSTS5	0.000000
PROFIL	ILSTS5	0.000000
FORMAT	HEL5	0.000000
CORNE	HEL5	0.000000
PROFIL	HEL5	0.000000
FORMAT	HEL1	0.000000
CORNE	HEL1	0.000000
PROFIL	HEL1	0.000000
FORMAT	INRA35	0.000000
CORNE	INRA35	0.006390
PROFIL	INRA35	0.035460
FORMAT	ETH152	0.000540
CORNE	ETH152	0.000000
PROFIL	ETH152	0.000000
FORMAT	ETH10	0.000000
CORNE	ETH10	0.000000
PROFIL	ETH10	0.000000
FORMAT	INRA32	0.000000
CORNE	INRA32	0.000000
PROFIL	INRA32	0.000000
FORMAT	BM2113	0.000000
CORNE	BM2113	0.000000
PROFIL	BM2113	0.000000
FORMAT	BM1824	0.000000
CORNE	BM1824	0.000000
PROFIL	BM1824	0.000000
FORMAT	HEL13	0.000000
CORNE	HEL13	0.000000
PROFIL	HEL13	0.000000
FORMAT	BM1818	0.000000
CORNE	BM1818	0.000000
PROFIL	BM1818	0.000000
FORMAT	ILSTS6	0.000000
CORNE	ILSTS6	0.000000
PROFIL	ILSTS6	0.000330
FORMAT	CSRM60	0.000000
CORNE	CSRM60	0.000000
PROFIL	CSRM60	0.000000
FORMAT	ETH185	0.000000
CORNE	ETH185	0.000000
PROFIL	ETH185	0.000000



	FORMAT	HAUT24	0.000000
	CORNE	HAUT24	0.000000
	PROFIL	HAUT24	0.000000
	ETH185	HAUT24	0.000000
	FORMAT	HAUT27	0.000000
	CORNE	HAUT27	0.000000
	PROFIL	HAUT27	0.000000
	FORMAT	TGLA126	0.001280
	CORNE	TGLA126	0.000000
	PROFIL	TGLA126	0.000000
	FORMAT	SPS115	0.000000
	CORNE	SPS115	0.000000
	PROFIL	SPS115	0.000000
<b>Mixte</b>	FORMAT	CORNE	0.000000
	FORMAT	PROFIL	0.000000
	CORNE	PROFIL	0.000000
	FORMAT	INRA23	0.000000
	CORNE	INRA23	0.000000
	PROFIL	INRA23	0.000000
	FORMAT	HEL9	0.000000
	CORNE	HEL9	0.014760
	PROFIL	HEL9	0.000000
	FORMAT	CSSM66	0.000000
	CORNE	CSSM66	0.000000
	PROFIL	CSSM66	0.000000
	FORMAT	ETH3	0.000000
	CORNE	ETH3	0.006820
	PROFIL	ETH3	0.000000
	FORMAT	INRA37	0.000000
	CORNE	INRA37	0.000000
	PROFIL	INRA37	0.000000
	FORMAT	MM12	0.000000
	CORNE	MM12	0.000000
	PROFIL	MM12	0.000000
	FORMAT	ETH185	0.000000
	CORNE	ETH185	0.000000
	PROFIL	ETH185	0.000000
	FORMAT	TGLA227	0.000000
	CORNE	TGLA227	0.000000
	PROFIL	TGLA227	0.000000
	FORMAT	TGLA122	0.000000
	CORNE	TGLA122	0.000000
	PROFIL	TGLA122	0.000000
	FORMAT	TGLA53	0.000000



CORNE	TGLA53	0.000000
PROFIL	TGLA53	0.000000
FORMAT	INRA63	0.000000
CORNE	INRA63	0.001130
PROFIL	INRA63	0.000000
FORMAT	INRA5	0.000000
CORNE	INRA5	0.000000
PROFIL	INRA5	0.000000
FORMAT	ETH225	0.000000
CORNE	ETH225	0.000000
PROFIL	ETH225	0.000000
FORMAT	ILSTS5	0.000000
CORNE	ILSTS5	0.000000
PROFIL	ILSTS5	0.000000
FORMAT	HEL5	0.000000
CORNE	HEL5	0.000030
PROFIL	HEL5	0.000000
FORMAT	HEL1	0.000000
CORNE	HEL1	0.000000
PROFIL	HEL1	0.000000
FORMAT	INRA35	0.000080
CORNE	INRA35	0.000000
PROFIL	INRA35	0.000000
FORMAT	ETH152	0.000000
CORNE	ETH152	0.000000
PROFIL	ETH152	0.000000
FORMAT	ETH10	0.000000
CORNE	ETH10	0.000000
PROFIL	ETH10	0.000000
FORMAT	INRA32	0.000000
CORNE	INRA32	0.000000
PROFIL	INRA32	0.000000
FORMAT	BM2113	0.000000
CORNE	BM2113	0.000000
PROFIL	BM2113	0.000000
FORMAT	BM1824	0.000000
CORNE	BM1824	0.000000
PROFIL	BM1824	0.000000
FORMAT	HEL13	0.000000
CORNE	HEL13	0.000000
PROFIL	HEL13	0.000000
FORMAT	BM1818	0.000000
CORNE	BM1818	0.000000
PROFIL	BM1818	0.000000



	FORMAT	ILSTS6	0.000000
	CORNE	ILSTS6	0.000000
	PROFIL	ILSTS6	0.000000
	FORMAT	CSRM60	0.000000
	CORNE	CSRM60	0.000070
	PROFIL	CSRM60	0.000000
	FORMAT	ETH185	0.000000
	CORNE	ETH185	0.000000
	PROFIL	ETH185	0.000000
	FORMAT	HAUT24	0.000000
	CORNE	HAUT24	0.000000
	PROFIL	HAUT24	0.000000
	FORMAT	HAUT27	0.000000
	CORNE	HAUT27	0.405740
	PROFIL	HAUT27	0.000000
	FORMAT	TGLA126	0.000000
	CORNE	TGLA126	0.744910
	PROFIL	TGLA126	0.000000
	FORMAT	SPS115	0.000000
	CORNE	SPS115	0.068510
	PROFIL	SPS115	0.000000
<b>viand</b>	FORMAT	CORNE	0.000000
	FORMAT	PROFIL	0.000000
	FORMAT	MM12	0.000000
	CORNE	MM12	0.000150
	PROFIL	MM12	0.000000
	FORMAT	ETH185	0.000000
	CORNE	ETH185	0.005720
	PROFIL	ETH185	0.000000
	FORMAT	TGLA227	0.000000
	CORNE	TGLA227	0.000000
	PROFIL	TGLA227	0.000000
	FORMAT	TGLA122	0.000000
	CORNE	TGLA122	0.005270
	PROFIL	TGLA122	0.000000
	FORMAT	TGLA53	0.000180
	CORNE	TGLA53	0.002350
	PROFIL	TGLA53	0.000000
	FORMAT	INRA63	0.000000
	CORNE	INRA63	0.631430
	PROFIL	INRA63	0.000000
	FORMAT	INRA5	0.044300
CORNE	INRA5	0.067130	
PROFIL	INRA5	0.164420	



FORMAT	ETH225	0.000000
CORNE	ETH225	0.000890
PROFIL	ETH225	0.000000
FORMAT	ILSTS5	0.000000
CORNE	ILSTS5	0.587150
PROFIL	ILSTS5	0.090120
FORMAT	HEL5	0.000000
CORNE	HEL5	0.032800
PROFIL	HEL5	0.000000
FORMAT	HEL1	0.000000
CORNE	HEL1	0.007130
PROFIL	HEL1	0.000000
FORMAT	INRA35	0.000060
CORNE	INRA35	0.000000
PROFIL	INRA35	0.000000
FORMAT	ETH152	0.000000
CORNE	ETH152	0.030610
PROFIL	ETH152	0.000000
FORMAT	ETH10	0.000000
CORNE	ETH10	0.000000
PROFIL	ETH10	0.000000
FORMAT	INRA32	0.000000
CORNE	INRA32	0.000000
PROFIL	INRA32	0.000000
FORMAT	BM2113	0.000000
CORNE	BM2113	0.154890
PROFIL	BM2113	0.000000
FORMAT	BM1824	0.000000
CORNE	BM1824	0.000520
PROFIL	BM1824	0.000000
FORMAT	HEL13	0.000000
CORNE	HEL13	0.045630
PROFIL	HEL13	0.000000
FORMAT	BM1818	0.003250
CORNE	BM1818	0.001770
PROFIL	BM1818	0.000090
FORMAT	ILSTS6	0.000000
CORNE	ILSTS6	0.058600
PROFIL	ILSTS6	0.000000
FORMAT	CSRM60	0.000000
CORNE	CSRM60	0.000000
PROFIL	CSRM60	0.000000
FORMAT	ETH185	0.000000
CORNE	ETH185	0.009740





	PROFIL	ETH185	0.000000
	FORMAT	HAUT24	0.000000
	CORNE	HAUT24	0.000000
	PROFIL	HAUT24	0.000000
	FORMAT	HAUT27	0.000000
	CORNE	HAUT27	0.000130
	PROFIL	HAUT27	0.000000
	FORMAT	TGLA126	0.088490
	CORNE	TGLA126	0.025250
	PROFIL	TGLA126	0.000040
	FORMAT	SPS115	0.001480
	CORNE	SPS115	0.007440
	PROFIL	SPS115	0.000000

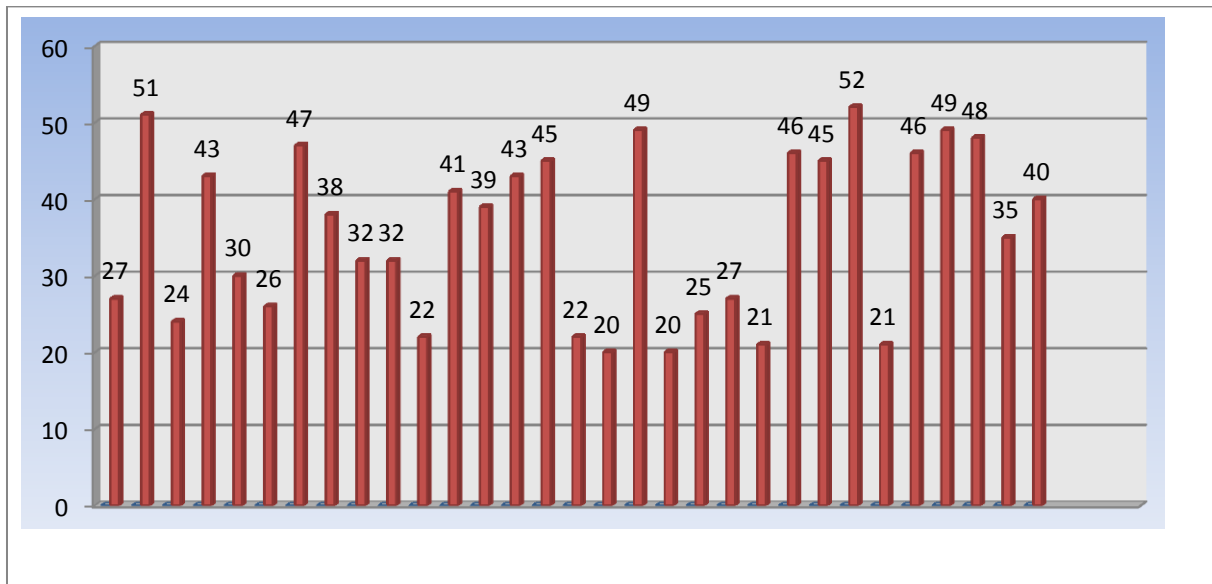


## Discussion :

### Variabilité Et Equilibre Génétique

Dans notre étude, Les valeurs de contenu d'information de polymorphisme (PIC) des marqueur étudiées variaient de 0.699à 0.895 était un PIC modéré dans locus INRA23 et le plus bas SPS115 (Tableau 10)., les marqueurs sélectionnés ont montré une capacité informative (PIC) très importante. Des moyennes de PIC plus élevés ont été rapportés dans des études de caractérisation bovines au niger (**Mahaman M .A Et Al (2019)**) avec l'utilisation de 27 marqueurs microsatellites sur 48 INDIVIDU DES races bovines du NIGER et au france(**Katayoun Moazami-Goudarzi et al., 2020**) également sur 11 races avec 20 locus microsatellites dans les même conditions d'amplification génique, traduisant là encore une capacité informative élevée des marqueurs choisis. La valeur la plus basse était de 0.699à (INRA23). Toutefois, il a été démontré que des valeurs de PIC comprises entre 0,25 et moins de 0,5 donnent des informations fiables et exploitables dans des études de caractérisation Cameroonien (; Ya-Bo et al., 2006).

Les paramètres de la variabilité des locus étudiés sont présentés dans le tableau 10. Un total de 1106 allèles est obtenu pour les 31 microsatellites. Le nombre d'allèles varie de 20(INRA35) à 52 (ILSTS6)présentant dans un histogramme, (Figure 27) ET les résultats obtenus pour les 107 races étudiées, on remarque que le nombre d'allèles par race varie de 4,613 a 19,387avec une moyenne de 6,536, elle est plus élevé chez la race avec Romagnola19,38 suivis par la race N'Dama avec 12,54,ET Busa11 ,06 le plus faible nombre moyen d'allèles a été enregistré chez les races Evolene Lagunaire ET Red Danish avec(4,6et 4,7et 4,8) respectivement, SONT comparable à celui rapportée dans les populations de Niger ( $N_a=5,22$ ) (**Mahaman M .A Et Al (2019)**). Par ailleurs, ces estimations restent supérieur à celles de races bovines de canada (**Hugo Yann Laliberte., 1998**). Cet écart des standards peut s'expliquer par le grand nombre d'individus échantillonnés (5363). Les moyennes d'hétérozygoties sont présente que le taux moyenne d hétérozygote observe ( $H_o$ ) varie entre Lagunaire(0,47°) et Anatolian Black(0,73) par contre taux moyenne d hétérozygote attendu ( $H_e$ ) varie entre Romagnola (0,807) et Longhorn(0 ,512 )avec une moyenne total 0,66 avec une faible taux d'hétérozygotie non biaisé enregistré est évidemment celui des races à faibles effectifs, il s'agit des races Longhorn (0,52), Highland ET Groningen Whiteheaded (0,56) et Bazadais ET Yakutian cattle (0,59), tandis que le taux le plus important est celui de la race Romagnola (0,82) qui présente la plus importante diversité génétique, parmi les 107 races étudiées,tableux0011



**Figure 30 : nombre d'allèle mis en évidence pour chaque marqueur microsatellite dans les 107 race étudié**

. Ces résultats traduisent une diversité génétique élevée dans ces populations. L'ensemble de ces résultats montre qu'il y a une forte variabilité génétique chez quelque race. Certains auteurs tels que **Thevenon et al., (2007)** expliquent cette diversité génétique importante par l'existence d'une grande taille efficace de populations consécutives aux effets d'un élevage de type extensif marqué par l'absence de sélection et dominée par des pratiques pastorales telles que le nomadisme ou la transhumance.

### Equilibre et différenciation génétique

Les F-statistiques de Wright (1968) FIS, FST et FIT ont permis de décrire le niveau statistiquement attendu d'hétérozygotie dans la population, ils ont été estimés pour chaque locus dans l'ensemble des populations étudiées. Le déficit d'hétérozygotie à l'intérieur des populations (FIS) il varie entre . 0 ,016(BM1824) et 0,094 (HAUT27) avec une moyenne totale de 0,053pour l'ensemble des loci .en comparant avec l'étude de **M. M. A. Moussa Et Al** Les valeurs de FIT varient Elle varie entre 0,106pour 8 TGLA227et0,445 pour INRA35, avec une moyenne de 0,156 pour tous les loci.,Ainsi la moyenne de l'indice de fixation de chaque population (FST) est de0,109, variant de 0,086pour TGLA227à 0,150 pour ETH10 on comparant avec les races de zébu et de taurin au Sénégal (**Ndiaye et al., 2015**) et en Mozambique(**Bessa et al., 2009**).

En dépit du déficit en hétérozygotes observés dans la majorité des loci, aucune déviation de l'équilibre de Hardy-Weinberg n'a été observée ni dans les sous populations ni dans la population globale. Cette observation est confortée par les valeurs du FIS QUI il varie entre . 0 ,016(BM1824) et 0,094 (HAUT27) avec une moyenne totale de 0,053pour sous des loci.en par contre les valeur de FIT varient entre 0,106pour 8 TGLA227et0,445 pour INRA35, avec une moyenne de 0,156 pour tous les loci en comparant par letude de



**M. M. A. MOUSSA et al. 2019** Quant au FST global, il est de 0,109 et est SUPÉRIEUR de 0,05. QUI traduisant une FORTE différenciation génétique des populations étudiées (Wright, 1978; Balloux et Lugon-Moulin, 2002).

. Les valeurs du flux génique (Nm) entre paires de populations ont en effet révélés l'existence d'importants échanges alléliques entre les populations. Le flux génique est d'autant plus important que les populations sont faiblement différenciées ( Dans ce cas NEI estimé de moyenne 2,087).

Les résultats indiquent une forte différenciation génétique, montrent des niveaux significatifs de flux génique entre elles, ce qui est crucial pour la diversité génétique et l'adaptation à long terme grâce à la répartition géographique diversifiée et les climats distincts influencent probablement, les pressions sélectives sur les populations, ce qui pourrait expliquer en partie la différenciation génétique enregistrée malgré le flux génique élevé entre les populations. Cette compréhension est essentielle pour la conservation et la gestion des populations, afin de préserver leur potentiel adaptatif face aux changements environnementaux futurs et aux divers défis auxquels elle est confrontée.

#### . **Caractérisation moléculaire des populations étudiées**

Dans cette étude, nous avons observé une diversité marquée des microsatellites selon les caractéristiques étudiées telles que la couleur de robe, le format et le profil, l'intérêt et la corne, ainsi que le poids et la hauteur au garrot chez les bovins. Cette diversité peut refléter la variabilité génétique au sein des populations bovines analysées, suggérant des sélections historiques ou contemporaines visant à favoriser certaines caractéristiques spécifiques comme la couleur de robe, la taille, ou la présence de cornes.

De plus, après comparaison, nous avons observé des similitudes dans les profils génétiques des loci entre ces caractéristiques. Cela suggère que ces marqueurs génétiques pourraient influencer ces traits particuliers.

Les valeurs maximales et minimales des paramètres génétiques se retrouvent régulièrement dans certains loci, ce qui indique une possible association entre la race et la couleur de robe, le format et le profil corporel, la présence de cornes, ainsi que le poids et la hauteur au garrot chez les bovins. Cette association suggère que certains loci contiennent des gènes ou des régions régulatrices influençant directement ces caractéristiques comparant avec l'étude de Moustapha **Gréma et al 2018** qui trouve des corrélations entre les caractéristiques phénotypiques

NOUS avons estimé le déséquilibre de liaison (DL) dans QUATRE populations, en relation avec les caractéristiques phénotypiques et les microsatellites. Les résultats obtenus confirment qu'il existe un déséquilibre entre le locus HEL5 et le gène de corne polled qui se situe sur le chromosome 1 avec une p-value très hautement significative en comparant avec l'étude de **Barbara Harlizius, et al 1996** qui démontre que les microsatellites INRA212 et INRA117,



ainsi que le gène KAP8, sont significativement liés à la condition polled chez les Simmental allemands et les Pinzgauer autrichiens.

Ainsi on trouve une  $I_d$  significative entre ces microsatellites étudiés et le (format et profil) ce qui pourrait faciliter la sélection génétique. En comparant avec les premiers travaux dans ce domaine ont été initiés en 2000 par Farnier et ses collègues (**Farnier et al., 2000**), qui ont analysé le DL dans une population de bovins laitiers néerlandais Black-and-White en utilisant 284 microsatellites. Leur étude a montré que le DL décroît avec la distance physique entre les locus, mais que même des DL non nuls peuvent être observés entre des loci très éloignés, voire entre des loci non situés sur le même chromosome (non synténiques)

.D'autres études, comme celle de **R. L. Vallejo et al 2003**. sur des taureaux Holstein nord-américains et celle de **Khatkar et al 2017**. sur des taureaux Holstein-Friesian australiens, ont abouti à des conclusions similaires, confirmant l'existence de DL significatif même sur de grandes distances génomiques. Ces recherches mettent en lumière l'importance du DL dans la compréhension des liens génétiques et des caractéristiques phénotypiques, ce qui est crucial pour les programmes de sélection et d'amélioration génétique dans le domaine de l'élevage.

En pratique, ces découvertes fournissent des informations précieuses pour les programmes d'amélioration génétique. En comprenant comment les microsatellites et les SNP (polymorphismes de nucléotide unique) influencent les caractéristiques économiquement importantes comme la production laitière ou la résistance aux maladies, les éleveurs peuvent prendre des décisions plus éclairées dans la sélection des animaux reproducteurs. Cela peut conduire à des progrès plus rapides et plus précis dans l'atteinte des objectifs de sélection, contribuant ainsi à l'efficacité et à la durabilité des industries d'élevage.

. Cependant, malgré des hypothèses initiales prometteuses basées sur la localisation proche de ces locus sur le même chromosome, les résultats ont montré une absence significative d'association entre les microsatellites étudiés et le gène MYF5 (Myogenic Factor 5) : Joue un rôle dans le développement des muscles influençant ainsi la composition de la viande comparant avec l'étude **Chunping Zhao et al 2020** qui ont caractériser l'évolution, l'expression et les variants génétiques du gène MYF5 chez les bovins Qinchuan, soulignant son importance potentielle en tant que gène candidat pour l'amélioration de l'élevage de cette race bovine spécifique on utilisant les SNP g.5785C>T, g.5816A>G et g.6535A>G ont montré des effets significatifs

ANSI LE GENE PRL (Prolactine) QUI Impliqué dans la production de lait chez les vaches laitières, la prolactine stimule la lactation comparant avec étude **Daniela Elena Ilie et al 2023** qui démontre que le polymorphisme du gène PRL, spécifiquement le SNP rs211032652, influence de manière significative la composition du lait chez les bovins bruns roumains, en particulier en ce qui concerne les pourcentages de graisse et de protéines

ET gene x influence production laitiere comparant avec étude de **Marie-Pierre Sanchez, et al 2023** apporte une contribution significative en élargissant notre compréhension du rôle du chromosome X dans la détermination génétique des traits complexes chez les bovins laitiers. Elle plaide en faveur de l'intégration systématique du chromosome X dans les analyses



génétiques pour maximiser les gains en termes de productivité, de santé et de qualité des élevages laitiers.

Plusieurs facteurs peuvent expliquer cette absence d'association. Tout d'abord, des facteurs environnementaux non pris en compte dans cette étude, tels que la gestion alimentaire, les conditions de logement, et d'autres variables environnementales, pourraient également avoir joué un rôle dans l'expression phénotypique observée. De plus, les variations dans les fréquences alléliques entre les populations étudiées et la diversité génétique au sein des microsatellites pourraient également avoir influencé les résultats.

Ces résultats divergent de certaines études antérieures comme l'étude **S.S. Moore, et al 1993** montrent une répartition équitable des microsatellites dans le génome bovin, sans regroupement particulier. Ces résultats sont cruciaux pour la sélection génétique et la recherche sur les traits économiques chez les bovins et les espèces apparentées.

L'absence d'association identifiée dans cette étude souligne la complexité des interactions génétiques et l'importance de mener des recherches approfondies pour comprendre pleinement les mécanismes sous-jacents à la production. Ces informations sont cruciales pour orienter efficacement les futurs programmes d'amélioration génétique, en particulier dans le domaine de l'élevage bovin où des gains génétiques précis sont essentiels pour optimiser la productivité et la rentabilité. COMPARENT AVEC l'étude de **D. Vaiman en 1998** QUI a contribué de manière significative à la compréhension de la génétique bovine en utilisant des microsatellites pour la cartographie du génome et l'identification de marqueurs associés aux loci de caractères économiques.

bien que cette étude n'ait pas trouvé d'association entre les microsatellites étudiés et le gène de production, elle offre une contribution importante à la littérature en mettant en lumière les défis et les complexités de la recherche génétique appliquée à l'élevage bovin. Des efforts continus sont nécessaires pour explorer davantage les interactions génétiques sous-jacentes et pour affiner les stratégies d'analyse afin de capturer pleinement ces nuances dans des études futures.



## Conclusion

L'étude de la diversité génétique des races bovines à l'aide de 31 microsatellites dans notre recherche a permis d'approfondir notre compréhension des relations entre les caractéristiques phénotypiques et la variabilité génétique intra et inter-races. Nous avons pu identifier des associations significatives entre certains locus microsatellites et des traits zootechniques clés tels que la production laitière, la résistance aux maladies et d'autres caractéristiques importantes pour l'élevage bovin, nos résultats soulignent l'importance cruciale de maintenir et de gérer la diversité génétique des races bovines à l'échelle mondiale. En préservant cette diversité, non seulement nous soutenons la résilience des troupeaux face aux défis environnementaux et sanitaires émergents, mais nous ouvrons également la voie à des programmes d'amélioration génétique plus ciblés et efficaces. Ces programmes pourraient potentiellement accélérer les progrès dans la sélection d'animaux adaptés à des environnements spécifiques et capables de répondre aux demandes croissantes des marchés agricoles pour des produits de haute qualité. En outre, notre utilisation du déséquilibre de liaison (LD) pour confirmer les associations génétiques avec le gene pollen et locus HEL5 qui situent dans le chromosomes 5 et aussi il y a une absence significative d'association entre les microsatellites étudiés et les gènes MYF5 (Myogenic Factor 5) : ANSI LE GENE PRL (Prolactine) ET gène x influence production laitière pour conclure, nos résultats mettent en lumière l'importance du déséquilibre de liaison (LD) pour confirmer les associations génétiques dans le contexte du gène du pollen et les 31 microsatellites étudiés ne montrent pas d'association significative avec les gènes qui ont un intérêt économique. Ces découvertes soulignent l'importance de comprendre les interactions génétiques pour optimiser à la fois la qualité de la viande et la production laitière, ouvrant la voie à des applications potentielles dans l'amélioration génétique du bétail.

### Perspectives :

À l'avenir, il est essentiel de continuer à développer des stratégies intégratives qui combinent la génétique moléculaire avec les données phénotypiques et environnementales. Cela permettra non seulement de renforcer notre capacité à préserver la diversité génétique des races bovines, mais aussi à promouvoir une utilisation durable des ressources génétiques animales dans un contexte agricole en mutation. Des collaborations internationales et des initiatives de partage des données seront cruciales pour enrichir nos ensembles de données et garantir une représentation globale des populations bovines.

De plus, l'application des avancées technologiques en génomique, telles que le séquençage à haut débit, ouvre de nouvelles opportunités pour une caractérisation encore plus détaillée des variations génétiques chez les bovins. Cela pourrait permettre une sélection plus précise et rapide des caractères désirables, tout en minimisant les effets indésirables tels que la consanguinité.

En conclusion, notre recherche contribue à éclairer les choix stratégiques dans la conservation et l'amélioration génétique des races bovines, tout en jetant les bases pour une gestion durable et efficace des ressources génétiques animales. Ces efforts sont essentiels pour assurer une

## *Conclusion*



sécurité alimentaire globale tout en préservant la biodiversité et en répondant aux défis futurs de l'agriculture et de l'élevage bovin à l'échelle mondiale





## Référence bibliographie :

### **A**

- A.k.i. youssao 1, 3\* a. Ahissou 2 z. Touré 2 p.l. leroy2000 productivité de la race borgou à la ferme d'élevage de l'okpara au bénin
- Aboagye g. S., c. L. Tawah, j. E. O. Rege (1994). Shorthorn cattle of west and central africa iii. Physical, adaptive and special genetic characteristics. World anim. Rev., 78: 22–32.
- Audouin-rouzeau f., fiches d'ostéologie animale pour l'archéologie, série b : mammifères in j. Desse et n.Derville marie, patin stephane, avon laurent - races bovines de france - edition france agricole, 269 pages, 2009
- Avon laurent, 2001 <https://www.fao.org/4/an473f/an473f04.pdf>

### **B**

- B. C., bradley d. G., 2001, genetic evidence for the near-eastern origins of european cattle, nature, 410 (6832), 1088-1091.
- Badinand f., bedouet j., cosson jp et hanzen ch. 2000. Lexique des termes de physiologie Et pathologie et performances de reproduction chez les bovins. Ann. Med. Vet., 144,289-301.
- Bailey et al., 1996 ; schlumbaum et al.,2003 ; edwards et al., 2004 ; haak et al., 2005 ; zeder et al., 2006 ; burger et al., 2006 ;bollongino et al., 2006 ; scheu et al., 2008)
- Baumung, r., simianer, h., &hoffmann, i. (2004). Genetic diversity studies in farmanimals—a survey. Journal of animal breeding and genetics, 121(6), 361-373.
- Benyarou mohammed 2016 contribution à l'étude des caractéristiques physicochimiques du lait de bovin local dans la région de tlemcen
- Benzécri, jp. (1973). Théorie de l'information et classification d'après un tableau de Contingence. L'analyse des données, tome 1, ed. Dunod, paris.
- Boichard, d., le roy, p., levéziel, h., elsen, jm., (1998). Utilisation des marqueurs moléculaires en génétique animale, inra prod, anim, 11(1) : 67-80.
- Bonnier puck, arno maas, jolianne rijks, 2004. L'élevage des vaches laitières. FondationAgromisa, wageningen, 2004.
- Belharfi Fatima Et Al 2023Caractérisation Morphométrique Et Génétique Des Populations Ovines En Algérie
- Bessa I, Pinhero I, Matola M, Dzama K, Rocha A, Alexendrino P. 2009. Genetic diversity and relationships among indigenous Mozambican cattle breeds. S. Afr. J. Anim. Sci., 39: 61-67. DOI: <http://dx.doi.org/10.4314/sajas.v39i1.43548%20>
- Barbara Harlizius, et al 1996New markers on bovine Chromosome 1 are closely linked to the polled gene in Simmental and Pinzgauer cattle

### **C**



- 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.
- Cauty, i., & perreau, j. M. (2003). La conduite du troupeau laitier. France agricole
- Chaix l., grant a., cattle in ancientnubia. In : a. Grant (dir.), les animaux et leurs produits dans le commerce et les échanges. Proc. 3rd intern. Conf. Hasri, oxford, 1990. Anthropozoologica, 1992, 16, 61-66
- Chaix l., grant a., cattle in ancientnubia. In : a. Grant (dir.), les animaux et leurs produits dans le commerce et les échanges. Proc. 3rd intern. Conf. Hasri, oxford, 1990. Anthropozoologica, 1992, 16, 61-66
- Chapuis, mp., estoup a . (2007). Microsatellite null alleles and estimation o Population differentiation. Mol biol evol 24: 621–631.
- Cotinot c., 1992 ; choix du sexe : possibilités et limites chez les animaux domestiques. Cahiers agriculture, 1 : 325 – 334
- Crow, jf. Kimura, m. (1970). An introduction to population genetics theory. Harper
- Des bovins, ovins, caprins, porcins 2010. Ed. Sciences et techniques agricoles
- Chunping Zhao et al 2020 Genetic variants in MYF5 affected growth traits and beef quality traits in Chinese Qinchuan cattle

## D

- Domingo a. (1976). Contribution à l'étude de la population bovine des états du golfe du bénin. Thèse de docteur vétérinaire, agence de coopération, culturelle et technique, paris, france, p. 143
- D. Vaiman en 1998 A set of 99 cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism
- Daniela Elena Ilie et al 2023 Polymorphism of the Prolactin (PRL) Gene and Its Effect on Milk Production Traits in Romanian Cattle Breeds

## E

- 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.
- [Eurasia livestock 2018https://www.heifers.lv/en/danish-red](https://www.heifers.lv/en/danish-red)
- El-BOUYAHIAOUI Rachid 2017Caractéristiques morphogénétiques et performances zootechniques de la race ovine «TAZEGZAWT » endémique de la Kabylie

## F,

- Falconer, d.s. 1989 introduction to quantitative genetics 3rd. Edition. Longmanscientific and technical, u.k.: 438pp.
- Felius m., 1995 cattle breeds. An encyclopedia, ed. Misset, doetinchem, 799.
- Felius m., 1995 cattle breeds. An encyclopedia, ed. Misset, doetinchem, 799.



- Felsenstein, j. (1993). Phylip phylogeny inference package, version 3.5 edition. department of genetics. Washington university, seattle.
- Freeman ar., meghen c.m., mac hugh d.b., loftus t., achuk.wi m.d., bado a, sauveroche b. Et bradley d.g., 2004. Admixture and diversity in west african cattle populations. *Molecular ecology* 13, 3477-3487.
- Farnir et al., 2000 Extensive Genome-wide Linkage Disequilibrium in Cattle
- FALCONER, D.S. 1989 Introduction to quantitative genetics 3rd. edition. Longmann Scientific and Technical, U.K.: 438pp
- Farnir et al., 2000 Linkage disequilibrium and signatures of selection on chromosomes 19 and 29 in beef and dairy cattle *Anim Genet.* 2008 Dec; 39(6): 597–605. doi: 10.1111/j.1365-2052.2008.01772.x

## G

- 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).
- Geba 2018 - institut de l'élevage d'après diverses sources (usda, conab, eurostat, faostat, senasa et meat & livestock australia)
- Gibbs r, wzinstock g, kappes s, loren s, womack j., 2006; white paper on bovine genomic sequencing initiative
- Guintard , j.-p. Mangin et y. Lignereux 2009)guintard c., mangin j. P., & lignereux y. (2009). Origine et diversité des bovinés—domestications et représentations: l'exemple de la philatélie. *ethnozootechnie*, (86), 109-131.
- Guintard c., mangin j. P., & lignereux y. (2009). Origine et diversité des bovinés—domestications et représentations: l'exemple de la philatélie. *ethnozootechnie*, (86), 109-131.
- Guintard c., mangin j. P., & lignereux y. (2009). Origine et diversité des bovinés—domestications et représentations: l'exemple de la philatélie. *ethnozootechnie*, (86), 109-131.
- Guo, sw., thompson, ea. (1992). Performing the exact test of hardy-weinberg Proportions for multiple alleles, *biometrics*, 48, 361-372.

## H

- Hardy g h., 1908- "mendelian proportions in a mixed population." *Science*, 28 (706): 49–50.
- Hartl, dl. (1988). Génétique des populations. Médecine-science flammariion, paris :p.305.
- Hugo Yann Lalibert 1998 Bovins de race canadienne, suisse-brune et holstein a l'aide du polymorphisme des marqueur génétique moléculaire : principes et application aux populations animales », 247-252.3323.
- Hubert Levéziel & Valérie Amarger 2005 Structure, régulation, expression et polymorphismes du gène CAST codant la calpastatine bovine.



## J

- J. Coulomb 1976 la race n'dama quelques caractéristiques zootechniques [file:///c:/users/tak\\_matik/downloads/la\\_race\\_ndama\\_quelques\\_caracteristiques\\_zootechniq.pdf](file:///c:/users/tak_matik/downloads/la_race_ndama_quelques_caracteristiques_zootechniq.pdf)

## K

- Kalinowski, s.t., 2005. Hp-rare: a computer program for performing rarefaction on measures of allelic density. *Mol. Ecol. Notes* 5, 187–189
- Kanh k. H. M. (2020). Caractérisation des systèmes d'élevage et des populations de bovins ndama des régions de kolda et de ziguinchor (sénégal). Thèse de doctorat génétique et amélioration animale. Université Felix Houphouët-Boigny, Abidjan.
- Krallinger h., 1927: cytologische Studien an einigen Haussäugetieren, 5: 127-187.
- *Katayoun Moazami-Goudarzi et al., 2020 Emploi de microsatellites pour l'analyse de la diversité génétique des races bovines françaises*
- *Khatkar et al 2017 A comparative integrated gene-based linkage and locus ordering by linkage disequilibrium map for the Pacific white shrimp, Litopenaeus vannamei*

## L

- Laliberté, hy. (1998). Caractérisation de la variabilité et des distances génétiques des Bovins de race canadienne, suisse-brune et holstein à l'aide du polymorphisme des Caséines et de marqueurs microsatellites. Mémoire de maîtrise en science biologiques. Université de Sherbrooke, Québec, Canada, 74
- Langella, o. 1999. Populations, 1.2.32. Available via <http://bioinformatics.org/~tryphon/populations/>
- Leroy, g. (2008). Genetic diversity and breed management in dogs, ph.d thesis, Agroparistech, p:210

## M

- Marichatou h., Kore h, Motcho h.k. et Vias g., 2005. Synthèse bibliographique sur les filières laitières au Niger. Documents de travail n04, 38 p.
- Marine Leschiutta 2024 dictionnaire d'agroécologie - tous droits réservés design et développement par l'atelier la botte mentions légales politique de confidentialité <https://dicoagroecologie.fr/dictionnaire/race-mixte/>
- 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.
- Melander y., 1957; the mitotic chromosomes of some cavicorn mammals: *Bos taurus*, 45: 649 – 664.
- MAHAMAN M .A et al 2019 Analyse de la diversité génétique de la race bovine Bororo (Wodaabé) du Niger à l'aide de marqueurs microsatellites
- Marie-Pierre Sanchez, et al 2023 X-linked genes influence various complex traits in dairy cattle



## N

- Nadjraoui d., (2001). Fao country pasture / forage resource profiles: algeria. [Http://www.fao.org/waicent/faoinfo/agricult/agp/agpc/doc/counprof/alg\\_eria.htm](http://www.fao.org/waicent/faoinfo/agricult/agp/agpc/doc/counprof/alg_eria.htm).
- Nait chabane soraya, 2015 caractérisation des élevages bovins dans une zone montagneuse cas: de la région de tizi-ouzou.
- Naves m., 2003. Caractérisation et gestion d'une population bovine locale de la zone tropicale: le bovin créole de guadeloupe. Thèse d'université. Institut national agronomique paris-grignon, paris, 283 p.
- Nei, m. (1972). Genetic distance between populations, *am nat*, 106: 283–292.
- Nei, m. (1973). Analysis of gene density in subdivided populations. *Proceedings of the National academy of sciences of the united states of america*, 70(12 pt 1-2), 3321–3323.
- Nei, m. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89(3), 583–590.
- Nei, m. (1987). *Molecular evolutionary genetics*, colombia university press, new york, Usa 70: 3321–3323.
- Nei, m., roychoudhury, ak. (1974). Sampling variances of heterozygosity and Genetic distance. *Genetics*, 76(2), 379–390
- Ndiaye NP, Sow A, Dayo GK, Ndiaye S, Sawadogo GJ, Sembène M. 2015. Genetic diversity and phylogenetic relationships in local cattle breeds of Senegal based on autosomal microsatellite markers. *Veterinary World*, 8: 994-1005. DOI: 10.14202/vetworld.2015.994-1005

## O

- Ollier, l., chevalet, c., fouley jl. (2000). Utilisation des marqueurs pour la Caractérisation des ressources génétiques, *inra prod, anim, numéro hors série « génétique moléculaire : principes et application aux populations animales »*, 247-252.

## P

- Peakall r and smouse pe 2012. Genalex 6.5: genetic analysis in excel., population 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.
- Piry, s., alapetite, a., cornuet, jm., paetkau, d., baudouin, l., estoup, a. (2004). GeneClass2: a software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of heredity* 95, 536-539
- Pritchard, j. K., stephens, m., donnelly, p. (2000). Inference of population structure Program for visualizing structure output and implementing the evanno method, *Proportions for multiple alleles, biometrics*, 48, 361-372.
- Peggy Raynaud 2005 Structure, régulation, expression et polymorphismes du gène CAST codant la calpastatine bovine.



## Q

- Queval r. Et bambara l., 1984. Le polymorphisme de l'albumine dans la race boualé et une population de zébu de type soudanien. *Revue de d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux* 37 (numéro spécial), 288-296.\*
- QUELLAR, D. C, J. E. STRASSMANN et C. R. HUGHES. 1993. Microsatellites and kinship. *Trends Ecol. Evol.* 8: 285-288

•

## R

- Raymond M., Rousset F. (1995) GENEPOP (version 1.2). Population genetics software for exact tests and ecumenicism. *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.
- Raymond, m., rousset f. (1995). Genepop (version 1,2): population genetics software for exact tests and ecumenism, *journal of heredity* 86, 248-24
- 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>
- Rice W.R. (1989) Analyzing tables of statistical tests. *Evolution.* 43, 223–225
- 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 animales, umr inra/agroparistech « génétique et diversité ani-males », rabat, 12-15 mars 2007.
- R. L.Vallejo, Li, Rogers, & Ashwell, 2003 Genetic Diversity and Background Linkage Disequilibrium in the North American Holstein Cattle Population

## S

- Soudah BOMA et al 2018) Caractérisation morpho-biométrique des populations bovines locales sans bosse du Togo
- Saitou, n., nei, m. (1987). The neighbor-joining method: a new method forReconstructing phylogenetic trees. *Molecular biology and evolution*, 4, 406-425.
- 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.
- Solignac, m., periquet, g., anxolabéhère, d., petit, c. (1995). Génétique et Evolution tome ii. L'espèce, l'évolution moléculaire. Collection méthodes ; hermann, Editeurs des sciences et des arts. 367pp.
- Soltner, 2001. . Alimentation des animaux domestiques tome 2. La pratique du rationnement Des bovins, ovins, caprins, porcins 2010. Ed. Sciences et techniques agricoles
- S.S. Moore,, et al 1993 Characterization of 65 bovine microsatellites

## T



- Tiropa francis chabi china et al 2016. Elevage de bovins somba et gestion de son écologie parasitaire gastro-intestinal au Bénin
- Troy c.s., machugh d. E., bailey j. F., magee d. A., loftus r. T., cunningham p., chamberlain a. T., sykes b. C., bradley d. G., 2001, genetic evidence for the near-eastern origins of european cattle, nature, 410 (6832), 1088-1091.
- Troy c.s., machugh d. E., bailey j. F., magee d. A., loftus r. T., cunningham p., chamberlain a. T., sykes

**V**

- Vallejo RL, Li YL, Rogers GW, Ashwell MS. Genetic diversity and background linkage disequilibrium in the North American Holstein cattle population. J Dairy Sci. 2003;86:4137-4147. [PubMed] [Google Scholar].

**W**

- Wattiaux m.a. 1996. Lactation et récolte de lait. Chapitre 25: procédure de traite. Institut Babcock pour la recherche et le développement international du secteur Laitier.[http://babcock.cals.wisc.edu/french/de/html/ch25/reproduction\\_frn\\_ch25.htm](http://babcock.cals.wisc.edu/french/de/html/ch25/reproduction_frn_ch25.htm)
- Weinberg w., 1908- on the demonstration of heredity in man. Zeitschrift für induktive Abstammungs- und Vererbungslehre, 2: 276-330.
- Wolter ,1992. Les bases technico-économique de l'alimentation de la vache laitière.
- Wolter, 1997 alimentation de la vache laitière. France agricole ,3e édition
- Wright, 1978; Balloux et Lugon-Moulin, 2002 L'estimation de la différenciation des populations avec des marqueurs microsatellites

**X**

- Xavier r et agroparistech. 2007. Ufr génétique, élevage et reproduction (agroparistech).

**Y**

- Yeh, fc., yang, rc., boyle, tbj., ye, zh., mao, jx. (1997). Popgene: the user-friendly shareware for population genetic analysis, edmonton, ab, canada: unersity of alberta; 1997.
- Yekhlief h. 1989. La production extensive de lait en algérie. Options méditerranéennes série séminaires, (6): 135 -139.
- Ya-Bo et al., 2006 Genetic diversity of four Cameroonian indigenous cattle using microsatellite markers



## Annexes

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE  
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

Université Abou Bekr Belkaid Tlemcen

# Business Model Canvas



Date de dépôt : 09 /07 /2024

N° de projet : FSNV STU030

Faculté/Institut : Université Aboubekr Belkaid – Tlemcen

Département : Biologie

Nom du projet : « GENEFERM »

Encadrant 1: MKEDDER Ikram

Co-encadrant 1: Gaouar Semir Bechir Suheil

Etudiants : - BOUDHIR Hanaa Chahinaz -

Année universitaire : 2023/2024



## 1- Proposition de valeur (Value Proposition) القيمة المقترحة

### a. Quels problèmes résolvons-nous pour nos clients ?

ما هي المشاكل التي نحلها لعملائنا ؟

Le cheptel mondial des bovins connaît une croissance lente à long terme. Ceci voit la demande s'élever par rapport à la production. L'Algérie possède un patrimoine diversifié, mais à faible quantité, ce qui nécessite de trouver un équilibre entre les besoins de préservation des ressources, les besoins d'amélioration génétique et l'augmentation de production. Ce service proposé permettrait aux éleveurs d'évaluer la diversité génétique de leurs troupeaux ainsi que de faire une sélection visée par rapport à l'intérêt de l'élevage pour maximiser les performances des troupeaux en termes de production laitière, de qualité de viande ou d'autres caractéristiques souhaitées.

Ce projet peut servir comme support pour la gestion des exploitations, notamment en matière de gestion des troupeaux, de planification alimentaire, de suivi de la santé animale et de gestion des données agricoles.

Ce service est destiné aux étudiants et chercheurs du domaine bioinformatique où l'on offre un service d'analyse des bases de données de microsattellites en comprenant les résultats avec les données internationales. Les demandeurs de ce service font généralement des prestations à l'étranger.

### b. Quels besoins de nos clients satisfont nos produits ou services ?

répond à ce besoin en proposant des formations aux éleveurs personnalisées dispensées par des instructeurs expérimentés, ainsi que des services de conseil en analyse génétique pour mieux sélectionner les animaux producteurs.

Les chercheurs en biologie et les chercheurs en Big Data ont tous besoin d'accompagnement pour avancer et pour mener à bien leurs activités.

## En quoi notre offre est-elle différente de celle de nos concurrents ?

في ماذا تختلف عروضنا عن تلك التي يقدمها منافسوننا؟

approche intégrée : notre STRTUP propose une approche intégrée en combinant à la fois des services de formation sur l'utilisation de logiciels très avancés et des services d'analyse génétique de pointe. Cette approche holistique permet aux clients de bénéficier d'une gamme

complète de solutions pour améliorer leurs pratiques d'élevage et optimiser la productivité de leurs exploitations.

**c. Quelles est notre proposition unique de valeur ?**

ما هو العرض الفريد للقيمة لدينا؟

Utilisation de la bioinformatique qui joue un rôle crucial dans l'innovation et la découverte dans de nombreux domaines scientifiques. En utilisant des outils informatiques avancés, les chercheurs peuvent explorer de nouvelles avenues de recherche, identifier de nouveaux gènes et développer des solutions novatrices qui répondent à des problèmes d'éleveur

**2- Segments de clients (Customer Segment) : أنواع العملاء**

**a. Quels sont nos clients principaux?**

من هم العملاء أو الزبائن الرئيسيون؟

Les clients principaux sont les suivants :

Éleveurs d'animaux producteurs : Ce sont des individus ou des entreprises impliquées dans l'élevage d'animaux destinés à la production de viande, de lait, d'œufs ou d'autres produits agricoles. Ces éleveurs sont les principaux utilisateurs des services proposés par notre start-up pour améliorer leurs pratiques d'élevage et optimiser la productivité de leurs troupeaux.

Chercheurs et étudiants en biologie : Les chercheurs en biologie, notamment ceux travaillant dans le domaine de la génétique animale, peuvent utiliser les services d'analyse génétique avancée pour mener des études et des recherches sur la diversité génétique des animaux producteurs, la sélection génétique et d'autres domaines connexes.

Chercheurs en big data : Les chercheurs en big data peuvent collaborer avec notre start-up pour développer et appliquer des techniques d'analyse de données avancées dans le domaine de l'agriculture et de l'élevage. Ces chercheurs peuvent contribuer à améliorer les outils et les services proposés par notre Start-up en utilisant des approches innovantes en matière d'analyse de données

**b. Quels sont les différents segments de clients que nous visons ?**

ما هي الفئات المختلفة من العملاء التي تستهدفها؟

Éleveurs d'animaux producteurs: Ce segment représente les principaux utilisateurs des services offerts par votre start-up. Ils sont directement impliqués dans l'élevage d'animaux destinés à la production agricole, tels que la viande, le lait ou les œufs. Votre start-up vise à les aider à améliorer leurs pratiques d'élevage et à optimiser la productivité de leurs troupeaux grâce à des outils numériques avancés et des services d'analyse génétique.

Chercheurs et étudiants en biologie: Ce segment comprend les chercheurs en biologie, en particulier ceux travaillant dans le domaine de la génétique animale. Ils peuvent utiliser les services d'analyse génétique avancée de votre start-up pour mener des études et des recherches sur la diversité génétique des animaux producteurs, la sélection génétique et d'autres domaines connexes.

Chercheurs en Big Data : ce segment englobe les chercheurs spécialisés dans le domaine du big data, qui peuvent collaborer avec votre start-up pour développer et appliquer des techniques d'analyse de données avancées dans le secteur de l'agriculture et de l'élevage. Leur expertise peut contribuer à améliorer les outils et les services proposés par votre start-up en utilisant des approches innovantes en matière d'analyse de données.

Quels sont les besoins spécifiques de chaque segment de clients ?  
ما هي الاحتياجات الخاصة لكل فئة من العملاء؟

Éleveurs d'animaux producteurs :

- ✓ Besoin de formations spécialisées sur l'utilisation de logiciels agricoles avancés pour gérer efficacement leurs exploitations.
- ✓ Besoin d'outils numériques pour la gestion des troupeaux, la planification alimentaire, la santé animale et la gestion des données agricoles.
- ✓ Besoin d'analyses génétiques pour évaluer la diversité génétique de leurs troupeaux et prendre des décisions éclairées en matière de sélection et de reproduction.
- ✓ Besoin de services de consultation personnalisée pour adapter les solutions technologiques aux besoins spécifiques de leur exploitation.
- ✓ Chercheurs et étudiants en biologie :
- ✓ Besoin d'accéder à des services d'analyse génétique avancée pour mener des études et des recherches sur la diversité génétique des animaux producteurs.
- ✓ Besoin d'accéder à des données génétiques fiables et précises pour leurs projets de recherche en génétique animale.
- ✓ Besoin de collaborer avec des experts en génétique animale pour interpréter les résultats des analyses génétiques et tirer des conclusions significatives.

Chercheurs en Big Data :

Besoin d'accéder à des données agricoles de qualité pour développer et tester des modèles d'analyse de données avancés.

Besoin de partenariats avec des experts en agriculture et en élevage pour comprendre les défis spécifiques du secteur et concevoir des solutions innovantes.

Besoin d'accéder à des outils et des plateformes numériques pour collecter, stocker et analyser de grandes quantités de données agricoles.

Comment pouvons-nous catégoriser nos clients en groupes distincts ?  
كيف يمكن تصنيف عملائنا الى مجموعات مختلفة؟

Type d'élevage : vous pourriez également segmenter vos clients en fonction du type d'élevage qu'ils pratiquent, tels que l'élevage de bovins laitiers, l'élevage de bovins à viande, l'élevage de volailles, etc. Chaque type d'élevage peut avoir des exigences spécifiques en termes de gestion et de technologie.

Objectifs et besoins spécifiques : Analysez les objectifs et les besoins spécifiques de vos clients. Par exemple, certains éleveurs peuvent se concentrer sur l'amélioration de la productivité, tandis que d'autres peuvent être plus préoccupés par la durabilité environnementale ou la qualité des produits. Vous pouvez ainsi segmenter votre clientèle en fonction de ces différents objectifs.

Localisation géographique : Les conditions climatiques, les ressources disponibles et les réglementations locales peuvent varier selon la région. Vous pourriez donc envisager de segmenter vos clients en fonction de leur localisation géographique pour mieux adapter vos services à leurs besoins spécifiques

### 3- Relation avec les clients (Consumer Relationships) علاقة مع العملاء :

#### a. Quel type de relation chaque segment de clients attend-il de nous ?

اي نوع من العلاقة يتوقعه كل فئة من العملاء منا؟

Type de relation : Une relation axée sur la satisfaction du client, où vous répondez rapidement à leurs besoins et où vous vous efforcez de dépasser leurs attentes à chaque interaction.

#### b. Comment entretenons-nous actuellement les relations avec nos clients ?

كيف نحافظ حالياً على العلاقات مع عملائنا؟

- service client personnalisé : Vous pourriez fournir un service client personnalisé en assignant à chaque client un représentant dédié ou une équipe de support qui répond à leurs questions et préoccupations de manière individualisée.
- Communication régulière : Vous pourriez maintenir un contact régulier avec vos clients en leur envoyant des newsletters, des mises à jour sur vos produits et services, ainsi que des conseils et des astuces pertinents pour leur activité agricole.
- Réseaux sociaux et plateformes en ligne : Vous pourriez interagir avec vos clients sur les réseaux sociaux et les plateformes en ligne, en répondant à leurs commentaires et messages, en partageant du contenu utile et en créant une communauté engagée autour de votre marque.
- Programmes de fidélisation : Vous pourriez proposer des programmes de fidélisation pour récompenser vos clients fidèles, tels que des remises, des offres spéciales ou des avantages exclusifs réservés aux membres.
- Événements et webinaires : Vous pourriez organiser des événements en personne ou des webinaires en ligne pour éduquer et engager vos clients, ainsi que pour favoriser les échanges d'expériences et les retours d'information.
- Suivi des commentaires et des retours : Vous pourriez recueillir activement les commentaires et les retours de vos clients à travers des enquêtes, des sondages ou des échanges directs, et prendre des mesures pour améliorer continuellement vos produits et services en fonction de leurs besoins.

- Assistance technique et formation : Vous pourriez fournir une assistance technique et des formations pour aider vos clients à utiliser efficacement vos produits et services, ainsi que pour résoudre tout problème ou question qu'ils pourraient rencontrer.

**c. Comment pouvons-nous améliorer ou personnaliser nos interactions avec nos clients ?**

كيف يمكننا تحسين أو تخصيص تفاعلاتنا مع عملائنا؟

- Comprendre les besoins individuels : Prenez le temps de comprendre les besoins individuels de chaque client. Utilisez des enquêtes, des entretiens et des données clients pour obtenir des informations sur leurs préférences, leurs défis et leurs objectifs spécifiques.
- Segmenter votre base de clients : Divisez vos clients en segments basés sur des caractéristiques telles que le comportement d'achat, les préférences de produit ou la localisation géographique. En comprenant les différences entre ces segments, vous pouvez adapter vos interactions de manière plus efficace.
- Personnaliser les communications : Utilisez les informations que vous avez sur vos clients pour personnaliser vos communications. Adressez-vous à eux par leur nom, proposez-leur des offres spéciales en fonction de leurs achats précédents et envoyez-leur des contenus pertinents et intéressants.
- Offrir des solutions sur mesure : Proposez des solutions qui répondent aux besoins spécifiques de chaque client. Si vous proposez des services de formation ou de conseil, adaptez-les en fonction des compétences et des objectifs de chaque client.
- Faciliter les interactions : Rendez les interactions avec votre entreprise aussi fluides que possible. Assurez-vous que vos clients peuvent vous contacter facilement via différents canaux (téléphone, e-mail, chat en ligne, réseaux sociaux) et assurez-vous de répondre rapidement à leurs demandes.
- Recueillir des commentaires régulièrement : Encouragez vos clients à donner leur avis sur leur expérience avec votre entreprise. Utilisez ces commentaires pour identifier les domaines dans lesquels vous pouvez vous améliorer et apporter des modifications en conséquence.
- Investir dans la formation du personnel : Assurez-vous que votre personnel est bien formé pour interagir avec les clients de manière efficace et empathique. La formation devrait se concentrer sur l'écoute active, la résolution de problèmes et la gestion des situations difficiles.
- Récompenser la fidélité : Mettez en place des programmes de fidélité ou des offres spéciales pour récompenser vos clients fidèles. Montrez-leur que vous appréciez leur soutien continu en leur offrant des remises, des cadeaux ou des

- Avantages exclusifs.

#### **4-Canaux de distribution ( Channels) قنوات التوزيع :**

##### **a- Par quels canaux nos clients veulent-ils être atteints ?**

من خلال أي قنوات يفضل عملاؤنا أن يتم التواصل معهم؟

- ✓ Contact direct
- ✓ Réseaux sociaux (e-mail, fb, inst, viber)
- ✓ Événements promotionnels
- ✓ Plateforme
- ✓ Formation en ligne

##### **b- Quels canaux sont les plus efficaces pour atteindre chaque segment de clients ?**

ما هي القنوات الأكثر فعالية للوصول إلى كل فئة من العملاء؟

- Visites sur le terrain : Rien ne remplace une présence physique pour établir des relations solides avec les éleveurs. Organisez des séminaires, des ateliers ou des démonstrations sur le terrain pour présenter vos services et établir des contacts personnels.
- Réseaux sociaux : Utilisez des plateformes comme Facebook, Instagram et LinkedIn pour partager du contenu utile, des études de cas, des témoignages de clients et des annonces sur vos formations et services.
- Réseautage local : Participez à des événements agricoles locaux, des foires commerciales ou des réunions de groupes d'éleveurs pour promouvoir votre start-up et établir des relations avec les acteurs locaux de l'industrie agricole.



##### **c- Comment pouvons-nous intégrer différents canaux pour améliorer l'expérience clients ?**

كيف يمكننا دمج مختلف القنوات لتحسين تجربة العملاء؟

- Omniprésence : Être présent sur plusieurs canaux permet aux clients de vous trouver et de vous contacter facilement. Intégrez les informations de contact et les liens vers vos canaux de communication dans tous vos supports marketing et vos interactions avec les clients.
- Communication fluide : Facilitez le passage d'un canal à un autre pour les clients. Par exemple, permettez-leur de poser des questions sur les réseaux sociaux et de recevoir des réponses détaillées par e-mail ou téléphone, ou encore de s'inscrire à une formation en ligne directement depuis votre site web.

## 5-Partenaires clés (Key Partnerships) : الشراكة الرئيسية :

- a. Qui sont nos partenaires clés ?
- ✓ من هم شركاؤنا الرئيسيون؟
  - ✓ Formateurs de logiciels : Ces partenaires peuvent fournir une expertise pratique dans l'utilisation des logiciels agricoles avancés que vous proposez. Ils peuvent contribuer à la conception et à la prestation de vos formations sur les logiciels, en fournissant des conseils pratiques et en aidant les clients à tirer le meilleur parti de vos solutions.
  - ✓ Chercheurs : Les chercheurs peuvent être des partenaires précieux pour accéder aux dernières avancées en génétique animale et en technologies agricoles. Ils peuvent vous aider à développer des solutions innovantes en utilisant des données de recherche et à valider scientifiquement l'efficacité de vos services d'analyse génétique.
  - ✓ Spécialistes des logiciels : Ces partenaires peuvent apporter une expertise technique dans le développement et la maintenance des logiciels que vous proposez. Ils peuvent collaborer avec votre équipe pour améliorer les fonctionnalités, optimiser les performances et assurer la fiabilité de vos solutions logicielles.
  - ✓ Formateurs en big data : Étant donné que l'analyse génétique et la gestion des données agricoles impliquent souvent de grandes quantités de données, les formateurs en big data peuvent être des partenaires précieux pour vous aider à gérer, à analyser et à interpréter efficacement ces données. Ils peuvent fournir une formation spécialisée sur l'utilisation des outils et des techniques d'analyse de données pour maximiser la valeur des informations que vous collectez.
  - ✓ Laboratoires de contrôle qualité ou de recherche : Ces laboratoires peuvent être des partenaires pour la validation et la certification de vos services d'analyse génétique. Ils peuvent fournir des installations et des équipements spécialisés pour effectuer des tests génétiques, ainsi que des expertises techniques pour garantir la qualité et l'exactitude des résultats que vous fournissez à vos clients

**b. Quels sont les partenariats qui nous aident à réduire les coûts, à accéder à de nouvelles ressources ou à améliorer notre proposition de valeur ?**

ما هي الشراكات التي تساعدنا على خفض التكاليف أو الوصول إلى موارد جديدة أو تحسين قيمتنا المقترحة؟

- ✓ Partenariats avec des formateurs de logiciels : Collaborer avec des formateurs de logiciels spécialisés dans l'agriculture vous permettrait de réduire les coûts de développement et de fournir des formations de haute qualité à vos clients. En externalisant cette expertise, vous pouvez bénéficier de tarifs compétitifs tout en offrant des services de formation professionnelle qui améliorent la valeur perçue de vos produits.
- ✓ Partenariats avec des laboratoires de recherche : En vous associant à des laboratoires de recherche, vous pouvez accéder à des ressources et à des équipements de pointe pour l'analyse génétique à moindre coût. Ces partenariats pourraient vous permettre d'externaliser une partie de vos activités de recherche et de développement, réduisant ainsi vos dépenses en infrastructures et en équipements.
- ✓ Partenariats avec des entreprises spécialisées dans les logiciels : Travailler avec des entreprises spécialisées dans le développement de logiciels agricoles vous permettrait de bénéficier de leur expertise technique et de leur expérience dans le domaine. Ces partenariats pourraient vous aider à réduire les coûts de développement et à accélérer le déploiement de nouvelles fonctionnalités, améliorant ainsi votre proposition de valeur pour les clients.
- ✓ Partenariats avec des universités ou des instituts de recherche : Collaborer avec des universités ou des instituts de recherche peut vous donner accès à des ressources humaines et intellectuelles de haute qualité à moindre coût. Vous pourriez bénéficier de l'expertise des chercheurs et des étudiants pour mener des projets de recherche et de développement, tout en offrant des opportunités de stage et de formation pour les étudiants intéressés par l'agriculture et les technologies de pointe.
- ✓ Partenariats avec des fournisseurs de services en ligne : Travailler avec des fournisseurs de services en ligne pour l'hébergement cloud, le marketing digital ou la gestion de la relation client peut vous aider à réduire les coûts opérationnels et à accéder à des ressources spécialisées à moindre coût. Ces partenariats pourraient également améliorer votre proposition de valeur en vous permettant d'offrir des services plus efficaces et mieux intégrés à vos clients



**c. Comment pouvons-nous aligner nos intérêts avec ceux de nos partenaires ?**

كيف يمكننا مزامنة مصالحنا مع تلك لشركائنا؟

En participant à leurs événements et en collaborant à des initiatives, vous pouvez accroître votre visibilité et votre crédibilité dans le secteur.

**6-Activités clés (Key Activities): الأنشطة الرئيسية:**

**a. Quelles sont les actions principales que nous devons entreprendre pour livrer notre proposition de valeur ?**

ما هي الأنشطة الرئيسية التي يجب علينا القيام بها لتقديم قيمتنا المقترحة؟

- ✓ Recrutement et formation des formateurs
- ✓ Développement de programmes de formation personnalisés
- ✓ Acquisition et mise en place du matériel de laboratoire
- ✓ Développement de protocoles d'extraction d'ADN
- ✓ Acquisition de puissants ordinateurs :
- ✓ Offrir un support client de haute qualité
- ✓

**b. Quelles sont les opérations essentielles pour notre entreprise ?**

- ✓ ما هي العمليات الأساسية لشركتنا؟
- ✓ Développement et maintenance des logiciels : Cela implique la conception, le développement, et la mise à jour régulière des logiciels agricoles offerts par votre entreprise. Il est important de garantir que les logiciels sont conviviaux, fiables et répondent aux besoins spécifiques des éleveurs d'animaux producteurs.
- ✓ Planification et prestation des formations : Vous devez élaborer des programmes de formation complets et adaptés aux besoins des clients, ainsi que les organiser et les dispenser efficacement. Cela comprend l'identification des formateurs qualifiés, la planification des sessions de formation et la création de supports pédagogiques.
- ✓ Conduite des analyses génétiques : Vous devez mettre en place les protocoles d'extraction d'ADN, effectuer les analyses génétiques à l'aide des équipements de laboratoire appropriés, et interpréter les résultats de manière précise et fiable. Il est également crucial de maintenir des normes strictes de contrôle qualité tout au long du processus.
- ✓ Gestion des opérations logistiques : Cela implique la gestion des stocks de matériel de laboratoire, des équipements informatiques, ainsi que l'organisation des déplacements pour les formations sur site ou les visites en laboratoire.
- ✓ Support client et service après-vente : Vous devez fournir un support client réactif et compétent pour répondre aux questions, résoudre les

problèmes et fournir des conseils supplémentaires aux élèves. Cela peut se faire par téléphone, e-mail, chat en ligne ou même sur place.

- ✓ Gestion administrative et financière : Vous devez assurer la gestion administrative de l'entreprise, y compris la comptabilité, la facturation, la gestion des contrats et des partenariats, ainsi que la conformité aux réglementations locales et industrielles.
- ✓ Marketing et développement commercial : Vous devez promouvoir vos produits et services, identifier de nouveaux clients potentiels, établir des partenariats stratégiques, et développer votre réseau de distribution pour accroître la notoriété de votre marque et stimuler la croissance de votre entreprise.

**c. Quelles sont les activités qui créent le plus de valeur pour nos clients ?**

ما هي الأنشطة التي تخلق أكبر قيمة لعملائنا؟

- ✓ Formations spécialisées sur les logiciels agricoles : Offrir des formations complètes et adaptées aux besoins spécifiques des éleveurs d'animaux producteurs en Algérie permet à vos clients de mieux utiliser les logiciels agricoles avancés pour gérer efficacement leurs exploitations. Ces formations améliorent leurs compétences et leur productivité.
- ✓ Services d'analyse génétique avancée : Les éleveurs ont besoin de comprendre la génétique de leurs troupeaux pour prendre des décisions éclairées en matière de sélection et de reproduction. Vos services d'analyse génétique avancée, tels que l'extraction d'ADN et l'analyse des marqueurs microsatellites, leur fournissent des informations précieuses pour améliorer la qualité de leurs troupeaux et leur productivité.

**7- Ressources clés (Key resources): الموارد الرئيسية:**

**a. Quels sont nos actifs matériels, immatériels et humains essentiels ?**

ما هي الأصول المادية وغير المادية والبشرية الأساسية لدينا؟

- ✓ Matériel informatique : Des ordinateurs puissants et des logiciels spécialisés sont essentiels pour l'analyse et l'interprétation des données génétiques, ainsi que pour le développement et la maintenance des logiciels agricoles.
- ✓ Infrastructure de formation : Salles de formation équipées de matériel audiovisuel, de supports pédagogiques et de logiciels de simulation pour dispenser efficacement les formations sur les logiciels agricoles.

Ressources humaines :

- ✓ Formateurs spécialisés : Des formateurs qualifiés et expérimentés dans le domaine de l'agriculture et des logiciels agricoles sont essentiels pour dispenser des formations de haute qualité.
- ✓ Chercheurs en génétique : Des chercheurs spécialisés en génétique animale sont nécessaires pour développer et valider les protocoles d'analyse génétique et interpréter les résultats de manière précise.
- ✓ Équipe de développement de logiciels : Des développeurs de logiciels compétents sont indispensables pour concevoir,

**Quels sont les outils, les technologies ou les partenariats dont nous avons besoin pour réussir ?**

ما هي الأدوات والتكنولوجيا أو الشراكات التي نحتاجها لتحقيق النجاح؟

- Outils de développement de logiciels :
- Technologies de laboratoire : Les technologies de laboratoire avancées sont indispensables pour mener des analyses génétiques de haute qualité. Cela comprend les équipements d'extraction d'ADN, les thermocycleurs PCR, les systèmes de séquençage génétique, etc.
- Plateformes cloud : Les plateformes cloud offrent une infrastructure informatique flexible et évolutive pour le stockage, le traitement et l'analyse des données génétiques massives. Ils permettent également un accès facile et sécurisé aux logiciels et aux services en ligne pour les clients
- Partenariats de recherche :
- Partenariats industriels :
- Outils de marketing et de communication : Des outils de marketing numérique, tels que les plateformes de gestion des médias sociaux, les logiciels de marketing par e-mail et les outils d'analyse web, sont essentiels pour promouvoir les produits et services
- efficacement les clients potentiels

**b. Quels sont les principaux avantages concurrentiels de nos ressources ?**

ما هي المزايا التنافسية الرئيسية لمواردنا؟

- Expertise spécialisée : notre statut dispose d'une équipe de formateurs qualifiés et expérimentés dans le domaine de l'agriculture et des logiciels agricoles, ainsi que des chercheurs en génétique animale. Cette expertise spécialisée permet à l'entreprise de fournir des formations de haute qualité et des services d'analyse génétique avancée, offrant ainsi une valeur ajoutée significative à ses clients.

- Technologies avancées : L'utilisation de technologies avancées dans le développement de logiciels agricoles et l'analyse génétique permet de proposer des solutions innovantes et efficaces qui répondent aux besoins spécifiques des éleveurs d'animaux producteurs en Algérie. Ces technologies différencient l'entreprise de ses concurrents et renforcent sa position sur le marché.
- Infrastructure de laboratoire : notre startup dispose d'une infrastructure de laboratoire bien équipée, comprenant des équipements de pointe pour mener des analyses génétiques de haute qualité. Cette infrastructure lui permet de fournir des services d'analyse génétique fiables et précis, ce qui constitue un avantage concurrentiel important sur le marché.
- Réputation et confiance : le bénéficie d'une solide réputation dans le domaine de l'agriculture et de la technologie agricole, ainsi que de la confiance de ses clients en raison de la qualité de ses produits et services. Cette réputation et cette confiance constituent un avantage concurrentiel durable qui favorise la fidélité des clients et la croissance de l'entreprise.

## **8- Charges et coûts (Coste structure) : التكاليف**

### **a. Quels sont les coûts fixes et variables associés à notre modèle économique ?**

ما هي التكاليف الثابتة والمتغيرة المرتبطة بنموذجنا الاقتصادي؟

#### **Coûts Fixes :**

Infrastructure technologique : Les coûts liés à la mise en place et à la maintenance de l'infrastructure technologique nécessaire pour héberger votre plateforme en ligne, y compris les pc puissant et Internet, et, seront des coûts fixes.

Salaires et frais généraux : Les salaires des employés permanents, tels que les instructeurs, les développeurs de logiciels, le personnel administratif et le personnel de support technique, ainsi que les frais généraux comme le loyer du bureau, les services publics, et les assurances, constituent également des coûts fixes.

#### **Coûts Variables :**

Coûts de formation personnalisée : Les coûts associés à la fourniture de formations personnalisées pour chaque client peuvent varier en fonction du temps passé par les instructeurs, des matériaux pédagogiques utilisés, et

éventuellement des frais de déplacement si les formations sont dispensées sur site.

Coûts d'analyse génétique : Les coûts variables associés à vos services d'analyse génétique incluent les frais de laboratoire pour l'extraction d'ADN, les réactifs et les consommables, ainsi que les frais de personnel pour effectuer les analyses.

Frais de marketing et de sensibilisation : Les coûts variables liés à la promotion de vos services, tels que les campagnes publicitaires en ligne, les événements de sensibilisation, et les partenariats stratégiques avec des institutions agricoles, peuvent varier en fonction de l'ampleur et de la portée de vos activités de marketing

**b. Quels sont les coûts les plus importants pour notre entreprise ?**

ما هي التكاليف الأكثر أهمية لشركتنا؟

Cout des pc puissants

Cout de marketing

Ressources humaines

**c. Comment pouvons-nous réduire les coûts ou améliorer l'efficacité de nos opérations ?**

كيف يمكننا خفض التكاليف أو تحسين كفاءة عملياتنا؟

Pour réduire les coûts ou améliorer l'efficacité des opérations, vous pouvez envisager les stratégies suivantes :

Automatisation des processus : Identifiez les tâches répétitives ou manuelles dans le développement logiciel, l'analyse génétique et la prestation de services, et cherchez des moyens d'automatiser ces processus pour réduire les besoins en main-d'œuvre et accroître l'efficacité.

Optimisation des ressources humaines : Assurez-vous d'avoir le bon nombre d'employés avec les compétences appropriées pour chaque fonction. Investissez dans la formation et le développement de votre équipe pour maximiser leur productivité et leur valeur ajoutée.

Utilisation efficace de la technologie : Adoptez des outils et des plateformes technologiques qui améliorent l'efficacité des opérations, tels que les logiciels de gestion de projet, les systèmes de gestion de la relation client (CRM) et les solutions cloud pour le stockage et le traitement des données.

Négociations avec les fournisseurs : Identifiez les fournisseurs clés et négociez des accords favorables en termes de tarifs, de conditions de paiement et de niveaux de

service. Explorez également les opportunités d'achat en gros pour obtenir des économies d'échelle.

## 9- Revenus (Revenue) : مصادر الدخل

### a. Quels produits ou services nos clients sont-ils prêts à payer ?

ما هي المنتجات أو الخدمات التي يكون عملاؤنا على استعداد لدفع ثمنها؟

Les éleveurs d'animaux producteurs en Algérie sont susceptibles d'être prêts à payer pour des produits et services qui leur offrent des avantages tangibles et des solutions à leurs besoins spécifiques. Voici quelques produits et services pour lesquels ils pourraient être disposés à payer :

**Formations spécialisées sur les logiciels big data** : L'étudiant est susceptible de payer pour des formations qui leur permettent de mieux comprendre et d'utiliser efficacement les logiciels avancés. Ces formations peuvent aider l'éleveur à optimiser la gestion de leurs troupeaux, à améliorer la planification alimentaire, à surveiller la santé animale et à savoir comment faire la sélection la plus efficace.

**Services d'analyse génétique avancée** : Les éleveurs pourraient être prêts à payer pour des services d'analyse génétique qui leur fournissent des informations précieuses sur la diversité génétique de leurs troupeaux. Ces informations peuvent les aider à prendre des décisions éclairées en matière de sélection et de reproduction pour améliorer les performances de leur troupeau en termes de production laitière, de qualité de la viande, de résistance aux maladies, etc

### b. Quels sont les différents moyens par lesquels nous pouvons générer des revenus ?

ما هي الطرق المختلفة التي يمكننا من خلالها تحقيق الدخل؟

Pour notre startup up, plusieurs moyens de générer des revenus peuvent être envisagés, en fonction des besoins et des préférences des clients ainsi que de la nature des services offerts. Voici quelques options possibles :

**Ventes directes de services** : Vous pouvez générer des revenus en vendant directement vos services aux éleveurs d'animaux producteurs en Algérie. Cela pourrait inclure la vente de formations sur les logiciels et de services d'analyse génétique et d'abonnements à des outils numériques avancés.

**Partenariats et affiliations** : Établissez des partenariats avec d'autres entreprises ou organisations du secteur agricole, telles que des fournisseurs d'aliments



pour animaux, des vétérinaires ou des coopératives agricoles, et bénéficiez de commissions ou de frais de parrainage pour les références ou les ventes.

**Services de consultation personnalisée :** Proposez des services de consultation personnalisée où vous travaillez directement avec les éleveurs pour élaborer des solutions sur mesure en fonction de leurs besoins spécifiques. Ces services peuvent être tarifés à l'heure ou sur une base de projet.

**Publicité et parrainages :** Vous pourriez également générer des revenus grâce à la publicité et aux parrainages, en permettant à des entreprises agricoles connexes de promouvoir leurs produits ou services auprès de votre base de clients.

### c. Quel est notre modèle de tarification ?

ما هو نموذج التسعير لدينا؟

modèle de tarification dun notre start up pourrait être conçu de manière flexible pour répondre aux besoins variés des éleveurs d'animaux producteurs en Algérie. Voici quelques options possibles pour votre modèle de tarification :

**Tarification à l'usage :** Vous pourriez offrir une tarification basée sur l'utilisation réelle de vos services. Par exemple, les éleveurs pourraient payer un montant fixe par analyse génétique réalisée ou par mois pour l'accès à vos logiciels agricoles, avec des frais supplémentaires pour les fonctionnalités avancées ou les volumes de données plus importants.

**Abonnements mensuels ou annuels :** Proposez des plans d'abonnement avec différents niveaux de fonctionnalités et de support. Les éleveurs paieraient un montant fixe chaque mois ou chaque année pour accéder à vos services, avec des tarifs dégressifs pour les engagements à long terme ou les volumes plus importants.



# Business Model Canévas : BMC

## Partenaires clés Key Partnerships

الشراكة الرئيسية

- Les chercheur Spécialiste dans les logiciel
- Formateur en big data
- Laboratoire de control de qualité ou de recherche
- Laboratoire de recherche
- informaticien

## Activités clés Key Activities

الأنشطة الرئيسية

- Ressource humaine :Formateur,(informaticien)  
Chercher les big data
- Pc puissant

## Ressources clés Key resources

الموارد الرئيسية

- Équipements de extraction et séquençage et d'analyse génétique
- Personnel hautement qualifié en génétique et en bioinformatique
- Accès à des bases de données

## Proposition de valeur Value Proposition

القيمة المقترحة

- Des formation en big data (logiciel)
- Faire des analyse génétique par rapport des animaux de rendement
- Aide des chercheur et Facilité a connaître des gène et leur position
- Exploitation des big data

## Relation clients Consumer Relationship

علاقة مع العملاء

- Servisse analyse rapide
- Carte De fidélité
- spécifiques des clients

Suivi régulier pour garantir la satisfaction et la fidélisation des clients (elveur)

## Canaux de distribution Channels

قنوات التوزيع

- Les Réseaux Sociaux'(enligne)
- La publicité direct a travers Participation à des conférences et des salons professionnels

## Segment client Customer Segment

انواع العملاء

- Des étudiant de biologie
- Eleveur
- Chercheur en big data

## Coûts Coste structure

التكاليف Campagnes De Marketing :

**Publicité En Ligne (Google Ads, Réseaux Sociaux) :** Estimation De 500,000 Da Pour La Création De Contenu Initial.

**Participation À Des Événements Et Salons Agricoles :** Estimation De 200,000 Da Pour Les Frais D'inscription Et De Stand.

**Total Des Coûts De Marketing Initial :** 700,000 Da

Matériel Utilisé

**Matériel Informatique :**

**Acquisition De HPC Puissants Pour L'analyse Bioinformatique :** Estimation De 400,000 DA Pour L'ordinateurs Et 100000dpour Les Accessoire De Bureau (Table De Pc Climatiseur Chaise .....

**ALONG TERM UN Locale De Bureaux Spécialisés :** Estimation De 200,000 DA Par Mois.

**Total Des Dépenses En Matériel :** 700,000 Da

## REVUNUS

**Revenus Projetés :**

**Prix Moyen Par Analyse Génétique :** Estimation De 30,000 - 60000 DA Par Analyse Selon Le Nombre De Race Et Les Paramètre

**Objectif Initial :** 20 Analyses Par Mois .DUREENT LA SAISON Des Soutenances ,En Parallèle Des Formation Vont Être Lancé Hors Saison ( Dure De Formation Une Semaine Variable Entre 8000DA 120000DA





***Code qr de platform***

