

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية  
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 Abou Bekr BELKAID – Tlemcen



كلية علوم الطبيعة والحياة، وعلوم الرض والكون  
Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie, et Sciences de la Terre et de l'Univers  
Département de Biologie

*Laboratoire de génétique appliquée en agriculture, écologie et santé publique*



## THESE DE DOCTORAT

*Présentée par*

**HADDAM Hadi Youssouf**

*En vue de l'obtention du*

**Diplôme de Doctorat**

En Sciences Biologiques, Option : Génétique appliquée

*Thème*

**Caractérisation morphométrique de certaines populations de chien  
Sloughi en Algérie**

Soutenu publiquement le Samedi 14 Décembre 2024 devant le jury composé de :

<b>Président</b>	MOKHTARI SOULIMANE Nassima	<b>Pr</b>	Université de Tlemcen
<b>Examineur 1</b>	GAOUAR Semir Bechir Suheil	<b>Pr</b>	Université de Tlemcen
<b>Examineur 2</b>	BOUNAR Rabah	<b>Pr</b>	Université de M'sila
<b>Examineur 3</b>	TEFIEL Hakim	<b>MCA</b>	Université de Tissemsilt
<b>Directeur de thèse</b>	MENNANI Achour	<b>MCA</b>	Université de M'sila

**Année universitaire 2024 - 2025**



# Dédicaces

À mes très chers parents Abdelkader & Fatima-Zahra

À ma chère sœur Rym & sa fille Lyli

À ma femme Samia

À ma grand-mère Hafida

À ma tante Kheddoudja et sa famille

À mes oncles Omar, Bachir et Sidahmed et leurs familles

À la mémoire de mon grand-père HOCINE

À ma famille

À mes amis

## Remerciements

*Au nom d'Allah le Tout Miséricordieux, le Très Miséricordieux.*

*« Et ma réussite ne dépend que d'Allah. En Lui je place ma confiance, et c'est vers Lui que je reviens repentant ». (Sourate Hud Verset 88).*

*Je remercie avant tout DIEU tout puissant et miséricordieux de m'avoir donné la force et la patience d'accomplir ce Modeste travail.*

*J'exprime ma profonde gratitude et mes sincères remerciements à Professeur **GAOUAR Semir Bechir Suheil** pour tout ce qu'il a fait pour moi en particulier, pour ses conseils, ses encouragements, ses contacts et sa confiance en moi. Je lui serai reconnaissant jusqu'à la fin.*

*Je tiens particulièrement à exprimer ma profonde gratitude et mes sincères remerciements à Docteur **MENNANI Achour** le directeur de cette thèse, pour ses idées, ces précieux conseils et ses discussions constructives, que Dieu vous bénisse.*

*Je tiens à remercier les membres du jury pour le temps qu'ils ont consacré à l'évaluation de ce manuscrit :*

***M<sup>me</sup> MOKHTARI-SOULIMANE Nassima**, Professeur à l'université de Tlemcen et actuelle doyenne de la faculté SNV/STU, pour avoir accepté de présider le jury de cette thèse.*

***M. GAOUAR Semir Bechir Suheil**, Professeur à l'université de Tlemcen et directeur du laboratoire GenApAgiE, pour avoir accepté d'examiner cette thèse de doctorat.*

***M. BOUNAR Rabah**, Professeur et chef de département de biologie à l'université de M'sila, qui me fait l'honneur de juger cette thèse et d'en être l'examineur.*

***M. TEFIEL Hakim**, Maître de Conférences à l'université de Tissemsilt, qui a accepté d'examiner cette thèse de doctorat.*

*Je remercie également le Professeur **Onur YILMAZ** de l'Université d'ADNAN MENDERES, Aydin en Turquie, pour sa contribution à l'analyse statistique des données de l'article publié dans SAJAS.*

*Je tiens à adresser mes remerciements les plus sincères à ma meilleure collègue de tout mon cursus, **HAMEL Wisem**, une personne dont les mots ne suffisent pas pour décrire à quel point son aide était importante, Merci à toi Wisem et que DIEU te bénisse pour tout ce que tu as fait pour moi.*

*Je remercie profondément M. **SIDHOUM Mohamed**, Madame **MKEDDER Ikram** et Madame **ABDELBARI Hanaa** pour leur contribution à la réussite de notre Séminaire sur le Sloughi en Mai 2022, que DIEU vous bénisse.*

*J'adresse aussi mes remerciements les plus chaleureux à Madame **BENMAGHNIA Hanane Zhor** qui a contribué à la réussite de ma publication, tu es venue au moment où j'avais le plus besoin d'aide, je remercie le bon DIEU d'avoir bien fait les choses et je te remercie aussi pour ta grande générosité, Que DIEU te bénisse Hanane.*

*Je remercie également une personne à qui je dois un énorme respect, M. **TAHARI Tarek**, propriétaire et éleveur de Sloughi, chercheur indépendant de l'histoire des chiens et concepteur d'un programme d'amélioration des Sloughis Algériens. Merci à toi frère Tarek pour tes conseils, tes contacts, ta présence permanente et ton aide lors de la rédaction de mes manuscrits.*

*Un grand merci à M. **Kacimi El-Hassani Alla**, qui a été désigné comme vice-président de notre Séminaire sur le Sloughi en 2022, propriétaire d'un élevage spécialisé du Sloughi dans la Wilaya de M'sila, Merci à toi cher ami.*

*Je remercie tous les membres de l'Association Nationale pour la Protection du Sloughi et de la Faune Sauvage (ANPSFS) et particulièrement le président M. **ALIM Abdelaziz** pour ses contacts, ses services et sa confiance en notre équipe de Génétique de l'Université de Tlemcen.*

*Je remercie également tous les éleveurs qui ont contribué à la réussite de ce travail, que ce soit de près ou de loin, Merci à **Ahmed BOUGRINE**, **Larbi MAHFOUD**, **Amar DAILI**, **Hamza**, **Amine** et **Nabil** de Bensekrane, **Zouheir HALILEM** et **Boumediene** de Remchi.*

*Un grand merci à toute l'équipe du laboratoire de recherche de Physiopathologie et la biochimie de la nutrition **PpaBioNut** et celle du laboratoire de génétique appliquée en agriculture, écologie et santé publique **GenApAgiE**, ainsi qu'à tous mes amis Docteurs et Doctorants de l'Université.*

## Résumé

Le présent travail vise à étudier le profil morphométrique et à déterminer des modèles mathématiques qui seront utilisés pour l'estimation du poids vif des chiens en fonction de certaines mesures corporelles, en utilisant un modèle de régression multiple, dans une race patrimoniale menacée, à savoir le chien Sloughi algérien, élevé dans trois régions géographiques différentes de l'Algérie. Le matériel animal de l'étude se composait de 105 chiens Sloughi, dont 30 individus provenant de la région Est, 35 de la région Centre et 40 de la région Ouest. Les moyennes pour la hauteur au garrot, la hauteur à la croupe, la longueur de la tête, la largeur de la tête, la longueur du museau, la longueur des oreilles, la longueur de la nuque, la longueur du corps, la longueur de la queue, la circonférence du museau, la circonférence de la tête, la circonférence thoracique, la circonférence abdominale, la circonférence de la cuisse, la circonférence de l'avant-bras et la circonférence du poignet ont été utilisées comme mesures corporelles. Les moyennes pour l'Indice de Masse, l'Indice de Format, l'Indice Céphalique, l'Indice Corps-Queue, l'Indice Osseux, l'Indice Tête-Museau, l'Indice de profil, l'Indice Tête-Nuque, l'Indice Oreille- Longueur de la Tête, et l'Indice Oreille- Largeur de la Tête ont été calculées en utilisant les mesures corporelles. Parmi les modèles de régression multiple formés, les plus élevés coefficients de détermination ( $R^2$ ) ont été obtenus à partir des modèles formés de la hauteur au garrot, de la hauteur au garrot et de la circonférence de la cuisse ou de la hauteur au garrot, de la circonférence de la cuisse et de la circonférence de la poitrine ensemble ( $R^2 = 0.70$ ,  $R^2 = 0.79$  et  $R^2 = 0.86$  respectivement). Le modèle avec un  $R^2 = 0.86$  avait le plus haut coefficient de corrélation de concordance ( $CCC = 0.938$ ). Cette étude a conclu que le poids vif de la race de chien Sloughi algérien pourrait être estimé avec une bonne précision chez certains groupes de chiens en utilisant certaines mesures corporelles et des méthodes statistiques.

**Mots clés :** Algérie, caractérisation morphométrique, chien, Modèle statistique, régression, Sloughi.

## Abstract

This study aims to examine the morphometric profile and determine mathematical models that will be used to estimate the live weight of dogs based on certain body measurements, using a multiple regression model, in a threatened heritage breed, namely the Algerian Sloughi dog, raised in three different geographical regions of Algeria. The animal material for the study consisted of 105 Sloughi dogs, with 30 individuals from the East region, 35 from the Central region, and 40 from the West region. Averages for withers height, croup height, head length, head width, muzzle length, ear length, neck length, body length, tail length, muzzle circumference, head circumference, chest circumference, abdominal circumference, thigh circumference, forearm circumference, and wrist circumference were used as body measurements. Averages for the Mass Index, Format Index, Cephalic Index, Body-Tail Index, Bony Index, Head-Muzzle Index, Profile Index, Head-Neck Index, Ear-Head Length Index, and Ear-Head Width Index were calculated using these body measurements. Among the multiple regression models formed, the highest coefficients of determination ( $R^2$ ) were obtained from models based on withers height, withers height and thigh circumference, or withers height, thigh circumference, and chest circumference together ( $R^2 = 0.70$ ,  $R^2 = 0.79$ , and  $R^2 = 0.86$ , respectively). The model with an  $R^2 = 0.86$  had the highest concordance correlation coefficient ( $CCC = 0.938$ ). This study concluded that the live weight of the Algerian Sloughi dog breed could be estimated with good accuracy in certain groups of dogs using specific body measurements and statistical methods.

**Keywords:** Algeria, morphometric characterization, dog, statistical model, regression, Sloughi.

## ملخص

يهدف هذا العمل إلى دراسة الجانب المورفومتري وتحديد النماذج الرياضية التي ستستخدم لتقدير الوزن الحي للكلاب استناداً إلى بعض القياسات الجسدية، باستخدام نموذج الانحدار المتعدد، وذلك في سلالة تراثية مهددة بالانقراض، وهي الكلب السلوقي الجزائري، الذي يتم تربيته في ثلاث مناطق جغرافية مختلفة في الجزائر. شمل العينة الحيوانية للدراسة 105 كلب سلوقي، منها 30 فرداً من منطقة الشرق، و35 من المنطقة الوسطى، و40 من المنطقة الغربية. تم استخدام المتوسطات لقياسات مثل ارتفاع الكتف، ارتفاع القصر، طول الرأس، عرض الرأس، طول الكامامة، طول الأذنين، طول الرقبة، طول الجسم، طول الذيل، محيط الكامامة، محيط الرأس، محيط الصدر، محيط البطن، محيط الفخذ، محيط الساعد، ومحيط الرسغ كقياسات جسمية. تم حساب المتوسطات لمؤشر الكتلة، مؤشر الصيغة، مؤشر الرأس، مؤشر الجسم-الذيل، مؤشر العظام، مؤشر الرأس-الكامامة، مؤشر الجانب، مؤشر الرأس-الرقبة، مؤشر طول الرأس-الأذن، ومؤشر عرض الرأس-الأذن باستخدام القياسات الجسدية. من بين نماذج الانحدار المتعدد التي تم تشكيلها تم الحصول على أعلى معاملات التحديد ( $R^2$ ) من النماذج المعتمدة على ارتفاع الكتف، ارتفاع الكتف ومحيط الفخذ، أو ارتفاع الكتف، محيط الفخذ، ومحيط الصدر معاً ( $R^2 = 0.70$ )،  $R^2 = 0.79$ ،  $R^2 = 0.86$  على التوالي). وكان النموذج الذي حصل على  $R^2 = 0.86$  لديه أعلى معامل لتوافق الارتباط ( $m$ )  $(= 0.938)$ . وقد خلصت هذه الدراسة إلى أنه يمكن تقدير الوزن الحي لسلالة كلاب السلوقي الجزائري بدقة جيدة في مجموعات معينة من الكلاب باستخدام قياسات جسم محددة وطرق إحصائية.

**الكلمات المفتاحية:** الجزائر، التوصيف المورفومتري، الكلب، النموذج الإحصائي، الانحدار، السلوقي



## Productions scientifiques

*Au cours de ma formation dans l'école doctorale, j'ai eu l'opportunité de mener diverses recherches scientifiques dans mon axe de recherche et aussi dans d'autres, ce qui m'a permis d'acquérir une expérience précieuse et de publier au niveau international comme montré ci-dessous.*

**Haddam, H.Y.**, Benbachir, B., Hamel, W., Abdelbari, H. & Benhammadi, M.E.-A., 2022. Morphological characterization and the significance of sexual differences in size among Lipochromic Mosaic Canary birds raised in the Wilaya of Tlemcen, northwest of Algeria. *Genetics & Biodiversity Journal*, 6(1), pp.45–56.

**Haddam, H.Y.**, Zenagui, M., Hasnaoui, I., Mkedder, I. & Gaouar, S.B.S., 2024. Morphometric comparative study between Algerian Sloughi and Galgo cross Sloughi dogs raised in Northwest of Algeria and body weight estimation using morphometric traits. *Genetic Biodiversity Journal*, 8(1), pp.31-41.

**Haddam, H.Y.**, Mennani, A., Yilmaz, O., Abdelbari, H., Mkedder, I., Benhamadi, M.E.A., Hamel, W. & Gaouar, S.B.S., 2024. The first morphological study of the Sloughi dog breed in Algeria. *South African Journal of Animal Science*, 54(2), pp.135-146.

**Haddam, H.Y.**, Mennani, A., Belala, R., Hamel, W., Mokrani, S., Saad, C., Abdelbari, H., Benhamadi, M.E.A. & Gaouar, S.B.S., 2024. Statistical models based on morphometric traits for body weight prediction in four dog breeds raised in Algeria. *Genetic Biodiversity Journal*, 8(2), pp.37-46.

Fokou, P.D., Hako Touko, B.A., **Haddam, H.Y.**, Gaouar, S.B.S., De Andrade, F.M., Mube, H., Katte Yato Katte, N., Motsa a Sob, J., Meutchieye, F. & Kouam, M., 2024. Morphometric characterization of the local highlands' dogs in West Cameroon. *Genetics & Biodiversity Journal*, 8(2), pp.47-56.

Sidhoum, M., Tefiel, H., Mekri, M., Chahbar, M., **Haddam, H.Y.**, Mihoubi, M., Medjaoui, A., Zenasni, N. & Gaouar, S.B.S., 2024. Morphometric and phytochemical characterization of *Lavandula dentata* L in western Algeria. *African Journal of Biological Sciences*, 6(14), pp.5328-5339.

Sidhoum, L., Mkedder, I., Boutoub, O., Benhamadi, M.E.A., **Haddam, H.Y.** & Gaouar, S.B.S., 2024. Morphometric characterization of three species of the genus *Urtica* in the North-western region of Algeria. *Genetics & Biodiversity Journal*, 8(1), pp.42-58.

Barka, C.E., Bensenane, B., Merzouk, H., Mebarki, A., **Haddam, H.Y.**, Berroukeche, F. and Mokhtari-Soulmane, N., 2024. Antidiabetic effects of coffee silverskin extract in streptozotocin-induced diabetic Wistar rats. *Waste and Biomass Valorization*, 15, pp.5219–5234.

## Table des matières

Liste des abréviations .....	I
Liste des figures .....	IV
Liste des tableaux .....	VII
<b>INTRODUCTION.....</b>	<b>1</b>
<b>PREMIERE PARTIE : REVUE BIBLIOGRAPHIQUE .....</b>	<b>4</b>
CHAPITRE I : Notions générales sur la biodiversité .....	5
1. Concept de Biodiversité .....	5
2. Impact et Importance de la Biodiversité .....	6
3. Diversité génétique et processus évolutifs .....	6
3.1. Mutation .....	6
3.2. Sélection .....	7
3.3.Migration (Flux génique) .....	7
3.4. Dérive génétique .....	7
4. Notions de population, d'espèce, de race et de variété chez les animaux .....	8
4.1. Population.....	8
4.2. Espèce.....	9
4.3. Race.....	9
4.4.Variété.....	9
5. Classification des populations animales domestiques.....	10
5.1. Espèce sauvage.....	10
5.2.Population traditionnelle .....	10
5.3.Race standardisée .....	11
5.4.Lignée sélectionnée .....	11
CHAPITRE II : Méthodes de caractérisation des ressources génétiques animales .....	12
1. Echantillonnage et enquête sur le terrain .....	12
2. Méthodes de la caractérisation des ressources animales .....	12
2.1. Méthode morphobiométrique .....	12
2.2.Méthodes biochimiques.....	13
2.3. Groupes sanguins .....	13
2.4.Marqueurs moléculaires .....	14
2.4.1. Polymorphisme de l'ADN mitochondrial .....	14
2.4.2. Les minisatellites.....	14
2.4.3. Les microsattellites.....	15
2.4.4. Polymorphisme de nucléotide simple (SNP) .....	15
2.4.5. Marqueurs RFLP .....	15
2.4.6. Marqueurs AFLP .....	16
2.4.7. Marqueurs RAPD .....	16
2.4.8. Séquençage du génome entier .....	16
CHAPITRE III : Généralités sur les chiens .....	18
1. Définition et domestication .....	18
1.1. Définition .....	18
1.2. Domestication.....	18
2. Classification des chiens .....	19
2.1. Classification phénotypique et génétique.....	19
2.2. Classification établie par la FCI.....	20
3. Quelques utilisations des chiens dans les sociétés humaines modernes .....	21

3.1. Chiens comme animaux de compagnie .....	21
3.2. Chiens dans les Services de Sécurité.....	21
3.3. Chiens de Thérapie et d'Assistance.....	21
3.4. Chiens comme instrument de chasse.....	21
4. Le groupe des lévriers .....	22
4.1. La race « Lévrier Anglais » .....	22
4.2. La race « Lévrier Espagnol » .....	23
4.3. La race « Sloughi Algérien ».....	24
4.4. Le croisé « Galgo X Sloughi » .....	25
<b>CHAPITRE IV : Généralités sur la race SLOUGHI .....</b>	<b>26</b>
1. Notions historiques.....	26
2. Couleurs du Sloughi .....	27
3. Maladies fréquentes chez le Sloughi .....	28
4. Le Sloughi en Algérie et l'Association Nationale pour la Protection du Sloughi et de la Faune Sauvage (ANPSFS) .....	29
<b>DEUXIEME PARTIE : PARTIE EXPERIMENTALE .....</b>	<b>32</b>
<b>MATERIELS ET METHODES .....</b>	<b>33</b>
Chapitre I : Caractérisation morphométrique des populations du chien Sloughi en Algérie ...	34
1. Zone d'étude.....	34
2. Population d'étude.....	34
2.1. Choix des animaux .....	34
2.2. Echantillonnage des différentes populations .....	35
3. Analyse morphométrique .....	37
3.1. Mensurations corporelles et indices corporels .....	37
3.1.1. Mensurations corporelles .....	37
3.1.2. Indices corporels .....	38
4. Matériels utilisés .....	38
5. Logiciels.....	38
5.1. Microsoft Excel 2016 pour Windows.....	38
5.2. SAS (Statistical Analysis System).....	39
5.3. Logiciel R.....	39
6. Analyses statistiques .....	40
6.1. Analyses descriptives .....	41
6.2. Analyses inférentielles.....	41
6.3. Analyses multivariées.....	42
6.3.1. Analyse en composantes principales (ACP) .....	42
6.3.2. Classification hiérarchique sur les composantes principale (HCPC).....	43
7. Etude des corrélations et analyse de régression linéaire multiple .....	44
8. Mesure de la concordance des modèles de régression par les Statistiques de Lin (Coefficient de corrélation de concordance) .....	46
Chapitre II : (Constitution d'une bibliothèque d'ADN des populations de Sloughi en Algérie) .	48
1. Principe de l'étude.....	48
2. Choix des échantillons .....	48
3. Matériel utilisé pour le prélèvement sanguin .....	48
4. Méthodes d'extraction de l'ADN .....	50
<b>RESULTATS ET DISCUSSION .....</b>	<b>51</b>
Chapitre I : Caractérisation morphométrique des populations du chien Sloughi en Algérie ...	52

1. Analyses descriptives (Mensurations corporelles et indices corporels).....	52
1.1. Mensurations corporelles .....	52
1.2. Indices corporels .....	53
2. Analyses inférentielles .....	54
2.1. Effet du sexe sur les mensurations corporelles et les indices corporels.....	55
2.1.1. Mensurations corporelles .....	55
2.1.2. Indices corporels .....	56
2.2. Effet de la région géographique sur les mensurations corporelles et les indices corporels.....	57
2.2.1. Mensurations corporelles .....	57
2.2.2. Indices corporels .....	59
3. Analyses multivariées .....	60
3.1. Analyse en composantes principales .....	60
3.2. Classification hiérarchique sur composantes principales.....	62
4. Etude des corrélations et analyse de régression linéaire multiple.....	65
4.1. Etude des corrélations entre les différentes mensurations corporelles et le poids vif des chiens .....	66
4.1.1. Chez l'ensemble des chiens étudiés .....	66
4.1.2. Chez les chiens de la région Est.....	67
4.1.3. Chez les chiens de la région Ouest.....	68
4.1.4. Chez les chiens de la région Centre .....	69
4.2. Etude de régression chez l'ensemble des chiens étudiés en fonction de la région géographique pour l'estimation du poids (Modèle général et modèles séparés du premier degré) .....	70
4.3. Mesure de la concordance par les Statistiques de Lin (Coefficient de corrélation de concordance) pour le modèle général et les modèles séparés du premier degré....	72
4.3.1. Chez l'ensemble des chiens étudiés (Modèle général).....	72
4.3.2. Chez les chiens de l'Est.....	73
4.3.3. Chez les chiens de l'Ouest .....	73
4.3.4. Chez les chiens du Centre .....	74
4.4. Etude de régression chez les chiens étudiés en fonction de la région géographique et du sexe pour l'estimation du poids (Modèles séparés au second degré) .....	75
4.4.1. Mesure de la concordance par les Statistiques de Lin (Coefficient de corrélation de concordance) pour les modèles séparés du second degré (Région*sexe).....	77
4.4.1.1. Chez les males de l'Est.....	77
4.4.1.2. Chez les femelles de l'Est .....	78
4.4.1.3. Chez les males de l'Ouest .....	78
4.4.1.4. Chez les femelles de l'Ouest .....	79
4.4.1.5. Chez les males du Centre .....	79
4.4.1.6. Chez les femelles du Centre .....	80
Chapitre II : (Constitution d'une bibliothèque d'ADN des populations de Sloughi en Algérie) .	83
<b>CONCLUSION ET PERSPECTIVES .....</b>	<b>84</b>
<b>REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES.....</b>	<b>88</b>
<b>ANNEXES.....</b>	<b>102</b>

## Liste des abréviations

**ACA** : Association Cynologique Algérienne

**ACM** : Analyse des Correspondances Multiples

**ACP** : Analyse en Composantes Principale

**ADNmt** : ADN Mitochondrial

**AFD** : Analyse Factorielle Discriminante

**AFDM** : Analyse Factorielle de Données Mixtes

**AFLP** : Amplified Fragment Length Polymorphisms

**AKC** : American Kennel Club

**ANPSFS** : Association Nationale pour la Protection du Sloughi et de la Faune Sauvage

**BI** : Indice osseux

**BL** : Longueur du corps

**BTI** : Indice corps-queue

**CC** : Circonférence thoracique

**CCC** : Coefficient de Corrélation de Concordanance de Lin

**CI** : Indice céphalique

**DEA** : Dog Erythrocyte Antigen

**EDTA** : Ethylène diamine tétra acétique

**EHLI** : Indice oreilles-longueur de la tête

**EHWI** : Indice oreilles-largeur de la tête

**EL** : Longueur des oreilles

**FAO** : Food and Agriculture Organisation

**FC** : Circonférence de l'avant-bras

**FCI** : Fédération Cynologique Internationale

**FI** : Indice de format

**GLM** : Generalized Linear Model

**GWAS** : Genome-Wide Association Studies

**HC** : Circonférence de la tete

**HCPC** : Hierarchical Clustering on Principal Components

**HdW** : Largeur de la tête

**HL** : Longueur de la tête

**HNI** : Indice tête-nuque

**HR** : Hauteur de la croupe

**HSD** : Honestly Significant Difference

**HW** : Hauteur au garrot

**IM** : Indice de masse

**LW** : Poids vif

**MC** : Circonférence du museau

**MGIBR** : Management and Genetic Improvement of Biological Resources

**MHI** : Indice tête-museau

**ML** : Longueur du museau

**NL** : Longueur de la nuque

**PDE** : Phosphodiesterase

**PRA** : Progressive Retinal Atrophy

**R2** : Coefficient de détermination

**RAPD** : Random Amplified Polymorphic DNA

**RFLP** : Restriction Fragment Length Polymorphisms

**RGA** : Ressources Génétiques Animales

**SAS** : Statistical Analysis System

**SNP** : Single Nucleotide Polymorphism

**TC** : Circonférence de la cuisse

**TCM** : Test de Comparaisons Multiples

**TL** : Longueur de la queue

**WC** : Circonférence abdominale

**WGS** : Whole Genome Sequencing

**WrC** : Circonférence du poignet

**WRI** : Indice de profil

**$\beta$**  : Coefficient de régression

## Liste des figures

<b>Figure 1</b> : Preuve archéologique de la première apparition de chiens à travers L'Eurasie et un modèle de domestication du chien .....	19
<b>Figure 2</b> : Photo d'une femelle Greyhound nommée Grace.....	23
<b>Figure 3</b> : Photo d'une femelle lévrier Espagnol (Galga) .....	24
<b>Figure 4</b> : Photo de Sloughis au niveau de la Wilaya de Laghouat.....	25
<b>Figure 5</b> : Photo d'un chien Galgo croisé Sloughi .....	25
<b>Figure 6</b> : Scène de chasse d'une mosaïque romaine.....	26
<b>Figure 7</b> : Gravures romaines sur pierre, Musée du Bardo, Tunis, Tunisie.....	27
<b>Figure 8</b> : Timbre postaux algériens datant de 1983 .....	30
<b>Figure 9</b> : Photo de deux Sloughi de la wilaya de M'sila.....	31
<b>Figure 10</b> : Ouverture de l'évènement en présence du recteur de l'université, de la doyenne de la faculté, du président de l'ANPSFS et quelques éleveurs .....	31
<b>Figure 11</b> : Photo en groupe des participants au huitième séminaire MGIBR en Mai 2022...	31
<b>Figure 12</b> : Carte géographique montrant les sites d'échantillonnage .....	34
<b>Figure 13</b> : Exemple de Sloughi de la Wilaya de Laghouat .....	36
<b>Figure 14</b> : Exemple de Sloughi de la Wilaya de Tlemcen .....	36
<b>Figure 15</b> : Les mensurations corporelles utilisées .....	37
<b>Figure 16</b> : Prélèvement sanguin à partir de la veine jugulaire .....	49
<b>Figure 17</b> : Manipulations avec précaution d'un étalon de Tlemcen .....	49
<b>Figure 18</b> : Kit d'extraction Wiragen utilisé dans la constitution d'une bibliothèque d'ADN....	50
<b>Figure 19</b> : Pourcentage de la variance expliquée par ACP .....	61
<b>Figure 20</b> : Cercle des corrélations des variables par ACP .....	61
<b>Figure 21</b> : Carte représentant la distribution des chiens après l'ACP.....	62



<b>Figure 22</b> : Dendrogramme d'une classification hiérarchique ascendante sur composantes principales (HCPC) .....	63
<b>Figure 23</b> : Matrice des corrélations de Pearson entre le poids vif et les mensurations corporelles chez l'ensemble des populations de Sloughis étudiées .....	66
<b>Figure 24</b> : Matrice des corrélations de Pearson entre le poids vif et les mensurations corporelles chez la population de Sloughis de la région Est .....	67
<b>Figure 25</b> : Matrice des corrélations de Pearson entre le poids vif et les mensurations corporelles chez la population de Sloughis de la région Ouest.....	68
<b>Figure 26</b> : Matrice des corrélations de Pearson entre le poids vif et les mensurations corporelles chez la population de Sloughis de la région Centre.....	69
<b>Figure 27</b> : Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez tous les chiens étudiés .....	72
<b>Figure 28</b> : Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi de la région Est .....	73
<b>Figure 29</b> : Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi de la région Ouest .....	74
<b>Figure 30</b> : Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi de la région Centre.....	74
<b>Figure 31</b> : Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi Males de la région Est .....	77
<b>Figure 32</b> : Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi Femelles de la région Est.....	78
<b>Figure 33</b> : Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi Males de la région Ouest .....	78
<b>Figure 34</b> : Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi Femelles de la région Ouest.....	79
<b>Figure 35</b> : Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi Males de la région Centre .....	79

**Figure 36 :** Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi Femelles de la région Centre ..... 80

## Liste des tableaux

<b>Tableau 1</b> : Origine et nombre d'individus étudiés .....	25
<b>Tableau 2</b> : Statistiques descriptives de la population de Sloughi étudiée .....	52
<b>Tableau 3</b> : Effet du sexe des chiens sur les mensurations corporelles .....	55
<b>Tableau 4</b> : Effet du sexe des chiens sur les indices corporels .....	56
<b>Tableau 5</b> : Effet de la région sur les mensurations corporelles .....	57
<b>Tableau 6</b> : Effet de la région sur les indices corporels .....	59
<b>Tableau 7</b> : Détails des caractéristiques de chaque classe .....	64
<b>Tableau 8</b> : Détails des individus représentatifs de chaque classe .....	65
<b>Tableau 9</b> : Modèles statistiques séparés du premier degré, obtenus par régression linéaire multiple .....	70
<b>Tableau 10</b> : Modèles statistiques séparés du second degré, obtenus par régression linéaire multiple .....	75

# ***INTRODUCTION***

C'est l'une des premières espèces domestiquées par l'homme, les chiens (*Canis lupus familiaris*), dont les traces de domestication remontent à environ 15 000 à 30 000 ans. Il est probable que les ancêtres des chiens modernes étaient des loups attirés par les campements humains (Wayne & vonHoldt, 2016). Les chiens ont été employés à différentes fins au cours des siècles, telles que la chasse, le gardiennage, le travail pastoral et, plus récemment, comme animaux de compagnie (Serpell, 1996). Au fil du temps, Chaque race a été créée afin de satisfaire des exigences spécifiques (Coppinger & Coppinger, 2001).

En Algérie, l'élevage des chiens devient de plus en plus important selon les déclarations faites par l'Association Cynologique Algérienne (ACA). Parmi les races de chiens autochtones, nous retrouvons le Sloughi qui est une race de chiens d'Afrique du Nord, notamment du Maroc, de l'Algérie, de la Tunisie et de la Libye. Race développée pour la chasse, puissante et élégante, avec des poils courts et lisses, des oreilles tombantes et une carrure athlétique. Outre leur beauté remarquable, le Sloughi est très endurant, ce qui le rend très adapté à la chasse à différentes espèces de proies, telles que le lièvre, le renard, le chacal, la gazelle et les grandes espèces d'antilopes ([www.akc.org](http://www.akc.org)). Depuis longtemps présent en Afrique du Nord, le Sloughi est prisé pour ses compétences de chasse, son endurance sur de longues distances et son agilité. La race est une race nationale en Algérie et est présente dans les régions steppiques des wilayas de Tebessa, Khenchela, Batna, Biskra, M'Sila, Djelfa, Tiaret, Laghouat (Nord), Saïda et Tlemcen. Toutefois, la pollution et l'érosion génétique mettent en péril le statut de race pure, selon une déclaration d'un éleveur renommé Kacimi El-Hassani (2022).

L'absence de documentation de recherche et de travaux académiques sur le Sloughi en Algérie est un facteur majeur de l'incertitude de l'avenir de la race. Les chercheurs et les spécialistes, lorsqu'ils définissent les diverses caractéristiques des animaux, se basent généralement sur des recherches et des études universitaires bien établies. Toutefois, l'absence de telles études sur le Sloughi en Algérie a compliqué la mise en place d'une compréhension claire de l'histoire de la race, de ses caractéristiques et des moyens possibles de sauvegarder sa lignée.

La plupart du temps, afin de déterminer différentes caractéristiques des animaux, nous employons des mesures corporelles. Les caractéristiques les plus essentielles utilisées par les scientifiques et lors de la sélection des races sont le poids vif et diverses mesures corporelles. Pour préserver et protéger les races, on cible généralement deux paramètres essentiels : le poids vif et les caractéristiques de croissance. Un groupe d'individus partageant certains caractères transmissibles et distinctifs est une race, c'est-à-dire que chaque race possède des caractères qui la différencient des autres races (González et al., 2011). La race est définie, dans une autre

approche similaire, comme un ensemble d'individus identifiables comme étant biologiquement distincts les uns des autres (Cavalli-Sforza, 2000).

Les méthodes employées dans cette étude à l'aide de l'analyse morphométrique sont identiques à celles employées chez d'autres races de chiens (González et al., 2011 ; Urosevic et al., 2020a ; Urosevic et al., 2020b), ou chez d'autres espèces domestiques telles que les chèvres, les moutons et le dromadaire (Traoré et al., 2008 ; Yilmaz et al., 2013 ; Meghelli et al., 2020).

### **Objectifs du travail de thèse**

Cette thèse est composée de deux chapitres.

Dans le premier chapitre nous allons étudier la morphométrie des populations de Sloughi vivant sur le sol Algérien. Le but de ce chapitre qui représente une partie importante était de présenter un profil morphométrique, d'évaluer les indices corporels et d'estimer le poids vif du Sloughi Algérien, cette section de l'étude a été publiée à l'échelle internationale dans une revue de catégorie A. Le but était de fournir les fondements nécessaires pour une meilleure identification de la race et une gestion plus efficace de la diversité génétique dans ce patrimoine et ressource biologique essentiels. Grâce à ce type d'étude, les éleveurs pourront diriger la sélection de leurs chiens vers les activités désirées sans avoir à croiser avec d'autres races de chiens. Parmi nos objectifs primordiaux, l'établissement d'un standard officiel qui permettra la reconnaissance du Sloughi Algérien.

**Remarque :** *Nous nous sommes intéressés uniquement à l'étude morphométrique, tout ce qui est couleur, formes, caractère, comportement et autres paramètres ne seront pas étudiés dans ce manuscrit car ce travail a été réalisé par l'Association Nationale pour la Protection du Sloughi et de la Faune Sauvage (ANPSFS).*

Dans le deuxième chapitre nous allons exposer notre contribution à la constitution d'une bibliothèque d'ADN des populations de Sloughi de trois régions géographiques, l'Est, le Centre et l'Ouest Algériens. Cette bibliothèque servira à une multitude d'études moléculaires dans un futur proche.

***PREMIERE PARTIE :***  
***REVUE***  
***BIBLIOGRAPHIQUE***

## **CHAPITRE I : Notions générales sur la biodiversité**

La diversité génétique des espèces animales utilisées pour l'alimentation, la production et d'autres activités humaines est considérée comme des ressources génétiques animales. Ces caractéristiques comprennent la diversité génétique chez les espèces domestiques, les races et les lignées. Il est essentiel de préserver et d'utiliser ces ressources de manière durable pour assurer la sécurité alimentaire, renforcer les systèmes de production animale et favoriser le développement de nouvelles variétés qui répondent aux défis environnementaux (FAO, 2020). L'utilisation des ressources génétiques animales est cruciale pour améliorer les caractéristiques des animaux, comme la productivité, la résistance aux maladies et l'adaptation aux conditions environnementales. De plus, elles assurent la préservation des races locales qui peuvent être adaptées à des environnements particuliers (Oldenbroek, 2007). La perte de diversité génétique causée par l'érosion des races locales, la mondialisation qui favorise des races à haute productivité au détriment des races traditionnelles, et le changement climatique sont les principales menaces qui pèsent sur les ressources génétiques animales. L'entretien de ces ressources revêt donc une importance capitale pour préserver la biodiversité (Hoffmann & Sgrò, 2011).

Une description générale de la biodiversité et des facteurs qui l'influencent, les notions de bases des appellations (espèce, race et variétés) ainsi que la classification des animaux domestiques sera présentée dans le présent chapitre.

### **1. Concept de Biodiversité**

La biodiversité représente la diversité des formes de vie présentes sur Terre, qui se manifeste à différents niveaux.

- *Diversité des espèces* : La diversité des espèces désigne le nombre et la diversité des espèces qui se trouvent dans un écosystème particulier. On évalue généralement ce niveau de biodiversité en se basant sur l'abondance des espèces et leur répartition géographique. La diversité des espèces joue un rôle essentiel dans le bon déroulement des écosystèmes, car elle impacte la stabilité et la résistance des systèmes écologiques face aux perturbations environnementales et humaines. L'indice de Shannon ou l'indice de Simpson est une mesure courante de la diversité des espèces, qui évalue la diversité en tenant compte à la fois de la richesse en espèces et de l'abondance relative des espèces (Clarke & Warwick, 2001).



- *Diversité génétique* : La diversité génétique correspond à la variabilité des gènes d'une espèce. Cette différence revêt une importance capitale pour la capacité des populations à s'adapter aux évolutions environnementales et pour la santé globale des écosystèmes. En accroissant la diversité génétique, les populations peuvent renforcer leur résilience en favorisant une meilleure adaptation aux maladies, aux parasites et aux changements climatiques (Hooper et al., 2005).
- *Diversité des Écosystèmes* : La variété des écosystèmes fait référence à la diversité des environnements et des phénomènes écologiques présents dans une région. Chaque écosystème possède ses propres particularités et mécanismes qui jouent un rôle dans la biodiversité mondiale. L'importance de la diversité des écosystèmes réside dans son impact sur la prestation de services écologiques tels que la régulation du climat, la purification de l'eau et la fertilité des sols. La disparition des écosystèmes peut conduire à une diminution de la diversité biologique et avoir un impact sur les services que ces écosystèmes offrent (Sala et al., 2000).

### **2. Impact et Importance de la Biodiversité**

La biodiversité est essentielle pour préserver la stabilité des écosystèmes et fournir des services écologiques indispensables. La diminution de la diversité biologique peut avoir des répercussions désastreuses sur les écosystèmes et les sociétés humaines, impactant la régulation du climat, la qualité de l'eau et la sécurité dans l'alimentation. La variété des espèces et des écosystèmes joue également un rôle essentiel dans la capacité des systèmes écologiques à faire face aux perturbations (Cardinale et al., 2012).

### **3. Diversité génétique et processus évolutifs**

Divers processus évolutifs et écologiques influencent la diversité génétique d'une population. Voici une explication approfondie des processus clés qui influencent la diversité génétique :

#### **3.1. Mutation**

Les mutations sont des changements (aléatoires) dans la séquence génétique qui créent de nouvelles variations génétiques. Elles sont la principale cause de variation génétique, car elles produisent de nouveaux allèles. Des erreurs de réplication, des dommages chimiques ou physiques, ou des recombinaisons génétiques peuvent entraîner des mutations. Trois types de polymorphisme peuvent être causés par les mutations : des changements irréguliers, des réarrangements de séquences (insertions, délétions, inversions ou duplications) et des

changements dans le nombre de répétitions de séquences anonymes. Ces mutations impactent directement la diversité génétique en introduisant de nouvelles variantes génétiques dans une population, quant aux mutations neutres, elles augmentent la diversité génétique, tandis que les mutations délétères peuvent la réduire si elles sont éliminées par la sélection (Lynch & Katju, 2004).

### **3.2. Sélection**

La sélection privilégie les individus dont les caractéristiques accroissent leur capacité de survie et de reproduction. En fonction du genre de sélection, elle peut avoir différentes conséquences sur la diversité génétique. La sélection directionnelle favorise une orientation extrême, ce qui réduit la diversité autour de cette orientation. La sélection stabilisée favorise les individus présentant des caractéristiques intermédiaires, ce qui réduit la variété des caractéristiques extrêmes. La sélection disruptive favorise les caractéristiques extrêmes, ce qui accroît la diversité génétique en créant des phénotypes différents. La diversité génétique peut être diminuée par la sélection en supprimant les variantes moins adaptées, elle a également la capacité de préserver ou d'accroître la diversité dans des environnements variés ou en utilisant une sélection équilibrante (Charlesworth, 2006).

### **3.3. Migration (Flux génique)**

Le flux génique désigne le flux de gènes entre les populations à travers la migration ou la reproduction interpopulatoire. Dans une population, ce processus peut apporter de nouveaux allèles, ce qui accroît la diversité génétique. La migration se traduit par le mouvement d'individus entre populations, la reproduction interpopulatoire désigne le croisement entre individus de différentes populations. La diversité génétique est renforcée par la migration en introduisant de nouveaux allèles et en diminuant les disparités génétiques entre les populations (Slatkin, 1987).

### **3.4. Dérive génétique**

La dérive génétique est une variation aléatoire des fréquences alléliques dans une population, particulièrement dans les populations de petite taille. Au fil du temps, cela peut provoquer des variations significatives dans les fréquences alléliques et une diminution de la diversité génétique. Nous appelons effet de fond, la réduction de la diversité génétique due à une petite taille de population. Dans la dérive génétique, Il est possible que certains allèles se fixent et

d'autres soient perdus, ce qui entraîne une diminution de la diversité génétique globale (Wright, 1931).

L'effet de fondateur survient lorsqu'un petit nombre de personnes crée une nouvelle communauté. Cette nouvelle population peut présenter des caractéristiques génétiques différentes de celles de la population d'origine. Cet effet conduit directement à la perte de la diversité génétique et à la fixation rapide des allèles présents chez les fondateurs, par rapport à la population d'origine, cela diminue la diversité génétique et peut entraîner une grande variabilité génétique dans la nouvelle population (Mayr, 1963).

Un autre effet apparaît lorsque la taille de la population est très réduite, cet effet s'appelle « *Effet de Goulot d'Étranglement* ». L'effet de goulot d'étranglement est un phénomène génétique qui se produit lorsque la taille d'une population diminue considérablement, souvent à la suite de catastrophes naturelles, de surchasses ou d'autres événements extrêmes. La diminution du nombre d'individus reproducteurs et l'élimination de nombreuses variantes génétiques entraînent une perte importante de diversité génétique. Les effets durables de l'effet de goulot d'étranglement peuvent affecter la population, tels qu'une augmentation de la consanguinité et une diminution de l'adaptabilité à de nouveaux milieux. Selon les études, il a été démontré que les populations confrontées à un problème de restriction peuvent être confrontées à des niveaux plus élevés de dépression de consanguinité et à une diminution de leur niveau de fitness (Lande, 1993). Des recherches sur différentes espèces mettent en évidence l'effet de cet effet sur la préservation (Frankham, 1995). L'importance des stratégies de conservation est mise en évidence par ces études afin de réduire les conséquences de l'effet de goulot d'étranglement et de préserver la diversité génétique des populations en danger.

La diversité génétique d'une population est souvent influencée par ces processus combinés et complexes, qui sont influencés par de nombreux facteurs tels que la taille de la population, le taux de mutation et les interactions avec l'environnement.

#### **4. Notions de population, d'espèce, de race et de variété chez les animaux**

##### **4.1. Population**

Une population désigne un ensemble d'individus de la même espèce qui habitent une région géographique donnée et qui interagissent entre eux. Les individus d'une population sont plus susceptibles de se reproduire entre eux qu'avec des individus d'autres populations, ce qui favorise le flux génétique au sein de la population (Smith and Smith, 2012). Les mutations, la

sélection naturelle, la dérive génétique et la migration peuvent entraîner des différences génétiques entre les populations (Begon et al., 2006).

### **4.2. Espèce**

Une espèce est une communauté d'organismes capables de se reproduire entre eux dans des conditions naturelles et de générer une descendance fertile. La définition traditionnelle d'une espèce en zoologie est basée sur le concept biologique, qui repose sur la capacité de reproduction et l'isolement reproductif. Toutefois, cette notion a été enrichie par des méthodes phylogénétiques qui étudient les liens évolutifs et les ancêtres communs (Sites & Marshall 2004). Les méthodes contemporaines incluent aussi des critères génétiques et écologiques dans la définition des espèces, en particulier pour les organismes asexués ou ceux qui présentent des hybrides (De Queiroz, 2007). Grâce à ces différentes définitions, il est possible de mieux appréhender la diversité biologique et de développer des stratégies de conservation efficaces.

### **4.3. Race**

Chez les animaux, le terme de race fait référence à un sous-groupe au sein d'une espèce qui se caractérise par des caractéristiques génétiques et morphologiques particulières, souvent de nature artificielle. Les races animales varient considérablement en ce qui concerne la taille, la couleur, la forme et d'autres caractéristiques physiques. Ces disparités résultent de pratiques de reproduction ciblée où des individus présentant des caractéristiques souhaitées sont choisis pour se reproduire, ce qui conduit à la concentration et à la fixation de ces caractéristiques au sein de la population. Les races peuvent aussi présenter des différences dans leurs comportements ou leurs performances. En dépit de ces divergences, les races au sein d'une espèce sont généralement interfécondes, même si on peut parfois observer des divergences dans la compatibilité reproductrice (Clutton-Brock, 1999). À la différence des espèces distinctes, les races au sein d'une même espèce ne sont pas généralement séparées reproductivement. Les races différentes peuvent fréquemment se reproduire entre elles et engendrer une descendance fertile. Néanmoins, les disparités entre races peuvent parfois avoir un impact sur la compatibilité reproductrice et les performances des hybrides (Barton & Hewitt, 1985)

### **4.4. Variété**

La « variété animale » désigne des sous-groupes au sein d'une espèce présentant des différences génétiques et morphologiques, mais qui ne sont pas forcément considérés comme des races

distinctes. Ces fluctuations peuvent englober des disparités en termes de taille, de couleur, de forme ou d'autres caractéristiques physiques. Les espèces animales peuvent être issues de processus naturels ou de la sélection humaine, et elles sont généralement moins stables génétiquement que les races, ce qui peut les rendre plus souples et adaptables. À la différence des races, qui sont souvent le résultat de la sélection artificielle sur plusieurs générations, les variétés peuvent être préservées par des méthodes agricoles ou de gestion particulière, mais avec moins d'accent sur des caractéristiques particulières (Frankham et al., 2010).

On peut citer un exemple de variétés chez les chiens en faisant référence au Standard N°15 de la Fédération Cynologique Internationale (FCI) propre au Berger Belge dont les quatre variétés sont : Le Groenendael, le Tervueren, le Malinois et le Laekenois.

### **5. Classification des populations animales domestiques**

Pour une bonne connaissance de la classification des populations d'animaux domestiques, il est intéressant d'étudier en profondeur les critères suivants : espèce sauvage, population traditionnelle, race standardisée et lignée sélectionnée. Chacun de ces niveaux correspond à un stade différent du processus de domestication et de sélection, mettant en évidence les changements morphologiques, génétiques et fonctionnels des animaux domestiques.

#### **5.1. Espèce sauvage**

Le point de départ de la domestication est l'espèce sauvage. Ceux-ci sont des animaux qui évoluent dans leur milieu naturel, sans être affectés par l'homme. Il est essentiel de saisir ces espèces afin de comprendre les fondements de la domestication, car les traits comportementaux et physiologiques de ces animaux sauvages ont un impact direct sur les caractéristiques des populations domestiquées. Prenons l'exemple des ancêtres sauvages des chiens, comme les loups, qui possédaient des comportements et des adaptations particuliers qui ont été altérés au cours de la domestication afin de satisfaire les besoins humains (Lauvergne, 1982).

#### **5.2. Population traditionnelle**

La conservation de la biodiversité génétique et la durabilité des systèmes agricoles locaux sont des rôles essentiels des populations animales traditionnelles. Selon Rege et Gibson (2003), ces races locales, souvent adaptées à des environnements spécifiques et à des méthodes de gestion traditionnelles, génèrent une grande variété génétique qui est cruciale pour assurer la résistance des systèmes de production. Ces populations jouent un rôle essentiel dans la préservation des caractéristiques particulières qui correspondent aux conditions locales, ainsi que dans le soutien

de pratiques agricoles durables. Il est essentiel de gérer et de préserver ces races afin d'assurer la sécurité alimentaire, de préserver les compétences locales et de préserver des écosystèmes équilibrés. La sauvegarde de ces ressources permet aussi de préserver les pratiques culturelles et les savoirs ancestraux liés à l'élevage. L'analyse de ces populations peut apporter des données sur l'adaptation des animaux aux environnements locaux et aux besoins humains au fil du temps.

### **5.3. Race standardisée**

Les races standardisées désignent des ensembles d'animaux qui ont été choisis selon des critères rigoureux afin d'obtenir des traits spécifiques. Ces critères peuvent être morphologiques, tels que la taille et la couleur, ou fonctionnels, comme la production de lait ou de viande. Des organismes de sélection et de contrôle établissent fréquemment des normes de race qui établissent des critères précis pour la reconnaissance officielle des races. La mise en place de cette classification assure une certaine homogénéité et qualité dans les populations animales utilisées dans des situations commerciales et d'exposition (Pellegrini, 1999). Les races standardisées sont ainsi le fruit de processus de sélection rigoureux qui ont pour objectif d'améliorer certaines caractéristiques tout en réduisant la diversité.

### **5.4. Lignée sélectionnée**

À l'intérieur des races standardisées, les lignées choisies sont des sous-groupes d'animaux sélectionnés pour des caractéristiques encore plus précises, souvent dans des situations de production intensive ou de recherche clinique. La sélection génétique rigoureuse est utilisée pour développer ces lignées afin d'améliorer des caractéristiques spécifiques telles que la vitesse de croissance, la résistance aux maladies ou la qualité de la production (Falconer & Mackay, 1996). Les lignées sont souvent choisies en utilisant des techniques de génétique quantitative et de biotechnologie avancées, et les animaux issus de ces lignées sont fréquemment employés dans le cadre de recherches de pointe ou de productions à haute performance.

Pour récapituler, la classification des populations d'animaux domestiques, depuis le sauvage jusqu'à la lignée sélectionnée, témoigne d'un processus complexe de domestication et de sélection qui a influencé les animaux afin de satisfaire les divers besoins des sociétés humaines. Les différents niveaux de cette classification offrent des points de vue différents sur l'évolution des animaux domestiques et leurs relations avec l'homme.

## **Chapitre II : Méthodes de caractérisation des ressources génétiques animales.**

### **1. Echantillonnage et enquête sur le terrain**

En caractérisation des animaux domestiques, le mot « enquête » désigne toute activité organisée visant à collecter des données et des informations sur les ressources génétiques animales (RGA), leurs milieux de production, leur gestion et les risques qui les touchent. Ces informations sont associées à la gestion des animaux et aux aspects socio-économiques de l'environnement de production. Toutefois, il est nécessaire de collecter les données directement sur le terrain. Il est possible de procéder à cela en réalisant des entretiens avec les éleveurs ou d'autres personnes locales (en personne ou en groupes). Des données supplémentaires sur la production et l'environnement peuvent être ajoutées à ces dernières afin de répondre aux hypothèses et aux objectifs des études, et de fournir une description détaillée des conditions dans lesquelles les animaux sont élevés (FAO ,2012).

### **2. Méthodes de la caractérisation des ressources animales**

La caractérisation des animaux se fait par plusieurs méthodes à différents niveaux (du phénotype jusqu'au moléculaire). A l'échelle du phénotype, nous retrouvons la caractérisation morphobiométrique qui est basée sur les mensurations corporelles, les indices zoométriques et les différents caractères visibles à l'œil nu chez l'animal (couleurs, formes.....etc). Dans la caractérisation à l'échelle moléculaire, nous retrouvons la caractérisation biochimique tels que l'analyse des protéines du sang, les récepteurs cellulaires et les anticorps. Un autre niveau encore plus précis à l'échelle moléculaire est très utilisé dans la caractérisation des animaux, c'est l'analyse directe de l'ADN en utilisant des marqueurs spécifiques.

#### **2.1. Méthode morphobiométrique**

La méthode morphobiométrique est un instrument performant employé pour évaluer les animaux, en combinant des analyses morphologiques approfondies avec des méthodes statistiques sophistiquées. Cette méthode met l'accent sur l'évaluation précise des formes et des dimensions corporelles des animaux pour appréhender et mesurer la diversité morphologique au sein des espèces ou entre différentes races (Bookstein, 1991). Elle est particulièrement bénéfique pour l'analyse de la diversité biologique et pour la création de liens entre les espèces ou les populations.

La morphobiométrie utilise des techniques comme la morphométrie géométrique, qui étudie la forme des structures corporelles à l'aide de points de repère définis sur des images ou des modèles tridimensionnels (Rohlf & Marcus, 1993), ce qui permet de prendre en compte les variations de forme et de quantifier les déformations par rapport à une forme de référence. Les données recueillies sont ensuite analysées à l'aide de statistiques multivariées afin de déterminer des motifs de variation et des relations entre les traits morphologiques (Adams et al., 2004).

La morphobiométrie a été utilisée dans le cas des chiens pour analyser les différences morphologiques entre les races et pour appréhender les adaptations morphologiques particulières. À titre d'exemple, des recherches ont employé cette approche pour étudier les différences de taille, de forme du crâne et d'autres traits corporels dans le but d'établir des liens évolutifs et de repérer des groupes de races partageant des ancêtres communs (Sutter et al., 2008). De plus, la morphobiométrie a été utilisée pour analyser les conséquences de la sélection artificielle sur les caractéristiques morphologiques des chiens de race, ce qui a donné des informations précieuses sur les processus évolutifs et les conséquences de la sélection.

Dans des études de conservation, cette méthode est aussi employée afin de surveiller les évolutions morphologiques au sein des populations animales et d'évaluer les conséquences de la gestion et de l'environnement sur la diversité morphologique (Bookstein, 1991). En somme, la méthode morphobiométrique offre des outils indispensables pour une compréhension approfondie de la diversité morphologique, ce qui contribue à des actions de préservation, à des études évolutives et à l'amélioration des méthodes de sélection animale.

### **2.2. Méthodes biochimiques**

La caractérisation des animaux repose sur les méthodes biochimiques qui permettent d'analyser les éléments moléculaires tels que les protéines, les lipides et les acides nucléiques. L'électrophorèse, la chromatographie et les tests enzymatiques sont des méthodes utilisées pour étudier les profils protéiques et les variations génétiques au sein des populations animales. Par exemple, on utilise l'électrophorèse sur gel pour séparer les protéines en fonction de leur taille et de leur charge, ce qui permet d'obtenir des données sur la diversité protéique (Hames, 1998). La chromatographie permet de séparer et d'analyser des lipides et des métabolites, ce qui facilite l'analyse des variations dans les métabolismes (Miller & Miller, 2005)

### **2.3. Groupes sanguins**



Plus de douze systèmes de groupes sanguins ont été décrits chez les chiens, mais on sait peu de choses sur leur fréquence de distribution au sein des populations de races (Ebelt et al., 2020).

Les groupes sanguins canins jouent un rôle crucial dans les transfusions sanguines et leur compréhension facilite la gestion des soins vétérinaires. Les différents systèmes de groupes sanguins canins sont examinés dans cette étude, y compris le système DEA (Dog Erythrocyte Antigen) et d'autres moins courants. Les résultats indiquent une grande disparité dans la répartition des groupes sanguins en fonction des régions géographiques et des races. Par exemple, il y a une plus grande fréquence de certains groupes sanguins dans certaines populations ou races, ce qui a un impact sur les pratiques de transfusion sanguine locales. Cette étude souligne l'importance d'un dépistage systématique pour les transfusions et suggère une meilleure compréhension des groupes sanguins propres aux races dans chaque zone géographique. Finalement, il est essentiel d'avoir une connaissance approfondie des différents groupes sanguins canins et de leur répartition géographique afin d'améliorer la sécurité et l'efficacité des transfusions sanguines vétérinaires à l'échelle internationale (Mangiaterra et al., 2021)

### **2.4. Marqueurs moléculaires**

La mise au point de nouvelles technologies de la biologie moléculaire a rendu les polymorphismes de l'ADN les indicateurs privilégiés pour l'étude des structures génétiques et de l'évolution des organismes. On les utilise principalement afin d'évaluer les origines des espèces d'animaux d'élevage et la répartition géographique de leur diversité (Duran et al., 2009).

#### **2.4.1. Polymorphisme de l'ADN mitochondrial**

La caractérisation des animaux utilise le polymorphisme de l'ADN mitochondrial (ADNmt) pour ses avantages de rapidité et de précision. Étant donné que l'ADNmt est transmis de manière matrilinéaire, il est possible de retracer les lignées maternelles et d'analyser les liens phylogénétiques entre les espèces (Tajima, 1993 ; Zhang, 1993). On utilise fréquemment des méthodes de séquençage et d'amplification, comme la PCR et le séquençage de l'ADN, afin de repérer ces variations.

#### **2.4.2. Les minisatellites**

En raison de leur grande variabilité génétique, les minisatellites, segments répétitifs de l'ADN (entre 10 et 60, principalement localisés dans les régions intergéniques, sont employés dans la caractérisation des animaux. Ces séquences, aussi connues sous le nom d'ADN polymorphe en

tandem, ont une longueur très variable parmi les individus d'une même espèce, ce qui les rend intéressantes pour les études de diversité génétique, de structure des populations et de parenté (Jeffreys et al., 1985). Le typage des minisatellites, tel que le fingerprinting ADN, permet de repérer des différences spécifiques entre individus et populations, offrant ainsi des informations précises sur les liens phylogénétiques et les flux géniques (Burke et al., 1991). Leur utilité est particulièrement grande dans les recherches sur la préservation et la gestion des ressources génétiques. Selon Weber et Wong (1993), les minisatellites ont également un impact sur les enquêtes judiciaires et l'archéologie, en fournissant des outils performants pour l'identification individuelle et les recherches originelles.

### **2.4.3. Les microsatellites**

Les microsatellites, aussi connus sous le nom d'ADN polymorphe en tandem, sont des séquences répétitives dans le génome (2 à 6 paires de bases) qui sont utilisées dans la caractérisation des animaux en raison de leur grande variabilité et de leur capacité à distinguer les individus (Tautz, 1989). Leurs dimensions réduites et leur répartition étendue rendent leur amplification par PCR et leur analyse précise plus aisées (Ellegren, 2004). Selkoe & Toonen (2006) soulignent l'importance des microsatellites dans les études de structure des populations, de généalogie et de conservation des espèces en raison de leur grande variété et de leur stabilité génétique. Les microsatellites peuvent également être utilisées pour étudier la parenté et détecter les variations génétiques dans les études de biodiversité (Adams et al., 2017).

### **2.4.4. Polymorphisme de nucléotide simple (SNP)**

Les SNP sont des altérations génétiques d'un seul nucléotide dans le génome, fréquemment employées pour la caractérisation des animaux en raison de leur fréquence élevée et de leur utilité dans l'analyse de la diversité génétique (Brookes, 1999). Les SNP représentent des indicateurs extrêmement précis pour étudier les différences génétiques, les liens phylogénétiques et la composition des populations (Pritchard et al., 2000). Ils sont employés dans les domaines de la génomique fonctionnelle, de la sélection génétique et de la préservation des espèces (Morin, 2004). Les techniques contemporaines, comme le séquençage à haut débit, offrent la possibilité de repérer des millions de SNP, ce qui simplifie les études à grande échelle (Mardis, 2008).

### **2.4.5. Marqueurs RFLP**

L'utilisation des marqueurs RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphisms) est un outil efficace pour caractériser les animaux, en se basant sur la variation de la longueur des fragments d'ADN produits par des enzymes de restriction (Botstein et al., 1980). Ces fluctuations sont le résultat de variations dans les emplacements de reconnaissance des enzymes dans le génome. On utilise les RFLP pour analyser la variabilité génétique, les liens phylogénétiques et la structure des populations en fournissant des données précises sur les variations génétiques dans les séquences d'ADN. L'efficacité et la fiabilité des RFLP en font un choix précieux pour les études de diversité et les applications en génétique animale (Lagziel et al., 2000)

### **2.4.6. Marqueurs AFLP**

Selon Vos et al. (1995), les marqueurs AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphisms) sont des outils efficaces pour analyser la diversité génétique des animaux en détectant des variations dans la longueur des fragments d'ADN amplifiés. La digestion de l'ADN est combinée à des enzymes de restriction et à une amplification sélective, ce qui donne lieu à un profil polymorphe de fragments qui peut être employé pour étudier la diversité, la structure des populations et les relations phylogénétiques. Les AFLP sont un outil puissant pour comparer des génomes étroitement apparentés et pour exploiter ces informations afin de développer une PCR spécifique dotée d'un potentiel de typage étendu (van Bergen et al., 2005).

### **2.4.7. Marqueurs RAPD**

L'utilisation des marqueurs RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) permet de caractériser les animaux en repérant des variations génétiques en utilisant des amorces aléatoires pour amplifier des fragments d'ADN (Williams et al., 1990). Cette approche produit des profils polymorphes qui peuvent servir à l'analyse de la variété génétique, des liens phylogénétiques et de la structure des populations (Welsh & McClelland, 1990). L'utilisation des RAPD est particulièrement bénéfique dans les études où les séquences d'ADN spécifiques ne sont pas disponibles, ce qui permet d'analyser rapidement et à moindre coût la variabilité génétique (Nagaoka & Ogihara, 1997).

### **2.4.8. Séquençage du génome entier**

Le séquençage du génome entier, également connu sous le nom de WGS, est une méthode de pointe qui permet de déterminer la séquence complète de l'ADN d'un organisme, offrant ainsi une vision complète du génome, incluant les régions codantes et non codantes (Mardis, 2008). Il est crucial d'utiliser cette méthode afin de mettre en évidence des variations génétiques

comme les SNPs, les indels et les variations structurales, ce qui facilite l'analyse de la diversité génétique, l'identification des mutations responsables de maladies et la compréhension des mécanismes évolutifs et adaptatifs (Lander et al., 2001). Les plateformes de séquençage rapides offrent la possibilité de produire de grandes quantités de données rapidement et à un prix abordable, ce qui facilite les analyses complexes des populations animales et les études de génomique comparative. L'utilisation du WGS peut être très utile pour la sélection génétique, la préservation des espèces et la recherche en biologie évolutive, mais l'analyse de données massives requiert des outils bioinformatiques avancés. Le WGS dépend aussi d'une gestion efficace des données et d'une interprétation précise des résultats.

## **CHAPITRE III : Généralités sur les chiens.**

### **1. Définition et domestication**

#### **1.1. Définition**

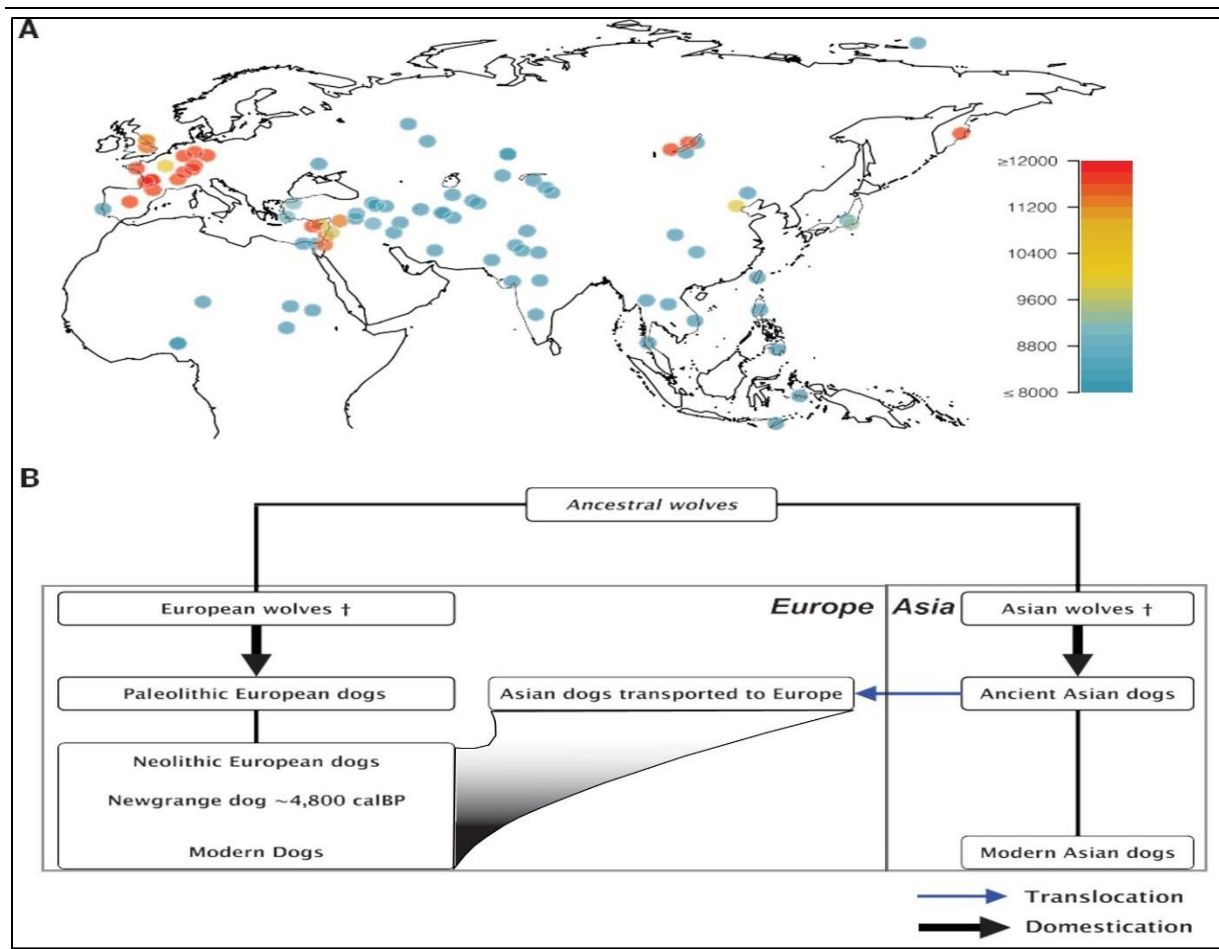
*Canis lupus familiaris* est une espèce de chiens domestiques de la famille des Canidés. Le loup gris (*Canis lupus*) est la sous-espèce domestiquée de celui-ci. Les premiers animaux domestiqués par l'homme sont le chien, dont les traces de domestication remontent à environ 15 000 à 30 000 ans (Larson et al., 2012). Les différentes tailles, formes et couleurs du chien sont le fruit de plusieurs millénaires de sélection. Cette diversité découle de l'élevage sélectif axé sur des caractéristiques particulières telles que la taille, le pelage et les compétences comportementales (Parker et al., 2004). Les poids des chiens peuvent fluctuer de quelques kilogrammes à plus de 80 kilogrammes et leur pelage peut varier de court et lisse à long et bouclé (Sutter et al., 2007).

#### **1.2. Domestication**

Chez les chiens, il existe un cas particulier de la domestication qui est qualifié de double domestication. La double domestication des chiens désigne l'idée que les chiens auraient été domestiqués de manière indépendante dans deux régions différentes, ce qui aurait donné des lignées génétiques différentes chez les chiens contemporains.

Dans diverses régions du globe, des fouilles archéologiques révèlent la présence de chiens domestiques anciens qui ne sont pas forcément associés. À titre d'exemple, les ossements de chiens retrouvés en Eurasie et en Amérique du Nord ont des caractéristiques différentes, ce qui soutient l'hypothèse de domestications indépendantes (Frantz et al., 2016).

Les recherches génétiques sur les chiens contemporains ont mis en évidence des structures génétiques différentes qui laissent entendre des origines variées. Les informations démontrent que les chiens peuvent avoir des ancêtres communs mais également avoir des différences significatives en fonction des régions où ils ont été domestiqués (Vilà et al., 1997). D'autres études révèlent de fortes différences entre les chiens domestiques d'Asie, d'Europe et d'Amérique du Nord, ce qui pourrait être le signe de processus de domestication différents dans ces régions. Ces disparités comprennent des fluctuations de taille, de forme et d'autres caractéristiques génétiques.



**Figure 1.** Preuve archéologique de la première apparition de chiens à travers L'Eurasie et un modèle de domestication du chien (Frantz et al., 2016)

La lettre (A) est utilisée pour la carte représentant l'origine géographique et l'âge des plus anciens restes archéologiques de chiens en Eurasie. La lettre (B) représente un modèle suggéré de domestication du chien sous l'hypothèse de la double origine. Une population initiale de loups se divise en loups d'Eurasie orientale et occidentale qui ont ensuite été domestiqués indépendamment avant de disparaître (comme l'indique le symbole). La population canine d'Eurasie occidentale (européenne) a ensuite été partiellement remplacée par une translocation de chiens asiatiques par l'intermédiaire de l'homme il y a au moins 6 400 ans, un processus qui s'est déroulé progressivement après l'arrivée de la population canine orientale.

## 2. Classification des chiens

### 2.1. Classification phénotypique et génétique

Les chiens domestiques sont divisés en diverses races, chacune présentant des particularités propres. Les critères morphologiques utilisés pour cette classification sont généralement la taille, la forme du corps, le type de pelage et les traits du visage. Les catégories de chiens sont

classées en chiens de travail, chiens de berger, chiens de chasse et chiens de compagnie. Parker et ses collègues (2004) ont examiné la composition génétique des chiens de race pure, offrant ainsi des informations sur la variété génétique au sein des différentes races. Les études génétiques ont mis en évidence une grande variété chez les chiens domestiques, ce qui permet une classification plus précise en se basant sur les marqueurs génétiques identifiés. L'utilisation des analyses ADN a permis de repérer les liens entre les différentes races. Selon Sutter et Ostrander (2004), un aperçu du système génétique des chiens a été donné, en abordant les aspects de leur classification génétique et de la diversité interraciale.

### **2.2. Classification établie par la FCI**

La Fédération Cynologique Internationale (FCI) est l'organisation canine la plus importante au monde. C'est une association à but non lucratif, dont le siège est à Thuin, en Belgique. En 1911, la FCI a été créée pour promouvoir la cynologie et améliorer l'encadrement des chiens de race, elle est composée de 98 pays membres et partenaires sous contrat (un membre par pays) qui émettent chacun leurs pedigrees et forment leurs juges.

La classification des chiens faite par la FCI divise les races en 10 groupes, eux-mêmes subdivisés en un nombre variable de sections. Enfin, chaque race se voit attribuer un numéro. À l'heure actuelle, la FCI reconnaît 355 races classées comme suit :

**Groupe 1** : Chiens de Berger et de Bouvier (sauf chiens de Bouvier Suisses).

**Groupe 2** : Chiens de type Pinscher et Schnauzer – Molossoïdes et Chiens de Montagne et de Bouvier Suisses.

**Groupe 3** : Terriers.

**Groupe 4** : Teckels.

**Groupe 5** : Chiens de type Spitz et de type primitif.

**Groupe 6** : Chiens courants, de recherche au sang et races apparentées.

**Groupe 7** : Chiens d'arrêt.

**Groupe 8** : Chiens rapporteurs de gibier, leveurs de gibier, chiens d'eau.

**Groupe 9** : Chiens d'agrément et de compagnie.

**Groupe 10** : Lévrier.

### **3. Quelques utilisations des chiens dans les sociétés humaines modernes**

Les chiens occupent différentes fonctions dans la société contemporaine, allant de la compagnie et des divertissements à des rôles professionnels et thérapeutiques.

#### **3.1. Chiens comme animaux de compagnie**

Les chiens, en tant qu'animaux de compagnie, apportent de nombreux avantages psychologiques et physiques à leurs propriétaires. Ils sont connus pour améliorer la santé mentale en offrant une source constante de soutien émotionnel, réduire le stress et l'anxiété, et encourager l'exercice physique grâce aux promenades régulières. Des études montrent que les interactions avec les chiens peuvent diminuer les niveaux de cortisol (l'hormone du stress) et augmenter les niveaux de sérotonine et de dopamine, contribuant ainsi à un bien-être général. De plus, la présence d'un chien peut favoriser des connexions sociales et renforcer le sentiment de sécurité (Serpell, 1991).

#### **3.2. Chiens dans les Services de Sécurité**

Les services de sécurité utilisent également fréquemment des chiens, notamment dans les secteurs de la détection de drogues, des explosifs et de la recherche et du sauvetage. Les forces de l'ordre et les équipes de secours utilisent leur capacité olfactive exceptionnelle dans ces situations (Kane et al., 2024 ; Mejia et al., 2024). Ainsi, les chiens continuent de jouer un rôle essentiel dans la sécurité publique, combinant leurs capacités naturelles avec des méthodes d'entraînement avancées pour maximiser leur performance.

#### **3.3. Chiens de Thérapie et d'Assistance**

Les chiens ont aussi une fonction essentielle en tant qu'animaux de thérapie et d'aide. Ils sont employés afin de soutenir les individus souffrant de problèmes physiques et mentaux, comme les troubles visuels, les troubles de l'anxiété, voire même les troubles du spectre autistique. Les chiens de thérapie apportent un soutien émotionnel et peuvent améliorer la qualité de vie des personnes qu'ils accompagnent (Rodriguez et al., 2020).

#### **3.4. Chiens comme instrument de chasse**

Depuis des millénaires, les chiens sont employés pour la chasse et leur rôle dans ce domaine est à la fois varié et spécialisé. Les compétences de ces chiens sont généralement réparties en trois catégories principales : les chiens d'arrêt, les chiens de rapport et les chiens de recherche. Les setters et les épagneuls sont des chiens d'arrêt qui permettent de repérer le gibier et de le



signaler à leur maître. Le gibier abattu est récupéré par des chiens de rapport, comme les retrievers. Enfin, le gibier est poursuivi par les chiens de recherche, tels que les *hounds*, jusqu'à sa capture. Les chiens ont des facultés olfactives et physiques remarquables, développées grâce à une formation particulière. L'entraînement intensif et la sélection génétique jouent un rôle crucial dans le développement de leurs compétences, ce qui permet d'améliorer l'efficacité des opérations de chasse.

Ces informations ont été extraites des différents standards de chiens et des expériences des éleveurs de ces chiens.

#### 4. Le groupe des lévriers

Selon les standards officiels de la *Fédération Cynologique Internationale* (FCI) et de l'*American Kennel Club* (AKC), les lévriers sont un groupe de chiens constitué de plusieurs races qui se distinguent par leurs particularités physiques. Ils sont généralement longs et minces, les membres élancés, avec une musculature puissante mais légère. Ces attributs correspondent à leur fonction traditionnelle de chien de chasse rapide. Ils ont souvent une tête étroite avec un museau pointu et leurs yeux sont en forme d'amande, ce qui leur permet d'avoir un champ de vision optimal. Les lévriers ont la peau tendue sur leur cadre mince, et leur pelage varie, même si beaucoup ont un poil court et lisse. Grâce à leur taille, ils offrent une grande souplesse et une grande vitesse, ce qui rend les lévriers très rapides et capables d'atteindre des vitesses impressionnantes dans les courses. Ils ont été choisis pendant des siècles pour être utilisés dans la chasse et les courses.

En Algérie, les races qui appartiennent à ce groupe et que nous y retrouvons fréquemment sont le Lévrier Anglais (Greyhound), le Lévrier Espagnol (Galgo) et le Sloughi. Parfois ces races sont croisées entre elles pour obtenir des chiens plus performants comme le fameux croisement fréquent entre Le lévrier Espagnol et le Sloughi.

##### 4.1. La race « Lévrier Anglais »

Le lévrier anglais, également connu sous le nom de Greyhound, est une race estimée dont les origines remontent à l'Égypte antique, où il était déjà connu pour sa grande rapidité. Connue pour son apparence élégante et sportive, ce chien a un corps long et mince, avec des muscles bien définis qui mettent en valeur son apparence gracieuse. Son crâne est long, son museau est étroit et ses yeux sont en forme d'amande, souvent sombres, ce qui accentue son expression alerte. Son profil distinctif est accentué par ses grandes oreilles, qui sont généralement repliées

contre sa tête. Grâce à ses pattes longues et à ses griffes courtes, le Greyhound vit jusqu'à 72 km/h, ce qui en fait l'un des animaux terrestres les plus rapides (Standard F.C.I. N° 158).

Ci-dessous une photo d'une femelle Greyhound téléchargée depuis Wikipédia.



**Figure 2.** Photo d'une femelle *Greyhound* nommée Grace

#### **4.2. La race « Lévrier Espagnol »**

Le lévrier espagnol, également connu sous le nom de Galgo Espagnol, est une race ancienne de la péninsule ibérique, pour la chasse au grand gibier et les courses. Le corps de ce chien est long et musclé, avec une silhouette élancée et athlétique qui témoigne de sa grande vitesse. Elle a la tête étroite, le museau allongé et les yeux en amande, souvent foncés, qui lui donnent une expression vive et intelligente. Son apparence élégante est accentuée par ses oreilles, qui sont généralement en forme de rose. Ses longues pattes fines et ses griffes courtes lui permettent d'atteindre des vitesses remarquables, même si elles sont un peu moins rapides que celles du Greyhound. Leur pelage, court et dense, varie du fauve au noir, en passant par le bringé. Le lévrier espagnol est connu pour sa douceur et sa réserve, un compagnon fidèle et affectueux, qui combine grâce et rapidité dans ses déplacements (Standard FCI N° 285).



Ci-dessous une photo d'une femelle Galga téléchargée depuis Wikipédia.



**Figure 3.** Photo d'une femelle lévrier Espagnol (*Galga*)

#### **4.3. La race « Sloughi Algérien »**

Le Sloughi ou lévrier arabe est une race de lévrier élégante et ancienne originaire du Maghreb. Il est défini par le standard de l'AKC et la FCI comme un chien de taille moyenne à la silhouette légère mais musclée. Elle possède une tête longue et étroite, avec des yeux en forme d'amande, qui témoignent d'intelligence et de vivacité. Les oreilles, allongées et un peu repliées, sont de petite taille. Sa poitrine est profonde et ses pattes longues lui donnent une grande agilité et une grande vitesse. Le Sloughi possède un pelage court et lisse, souvent d'un même ton, tels que le fauve, le bringé ou le sable. Il se démarque grâce à une conduite fluide et raffinée, qui correspond à sa capacité de course remarquable. Ce lévrier est aussi connu pour son caractère doux, réservé mais fidèle.

Une photo de deux Sloughis de l'élevage de M. Ahmed BOUGRINE de la Wilaya de Laghouat symbolisant la culture de cette région du pays avec le dromadaire, la tente (Khaïma) et le Sloughi est représentée par la figure 4.





**Figure 4.** Photo de Sloughis au niveau de la Wilaya de Laghouat

#### **4.4. Le croisé « Galgo X Sloughi »**

Les croisements interraciaux chez les chiens et particulièrement chez les chiens de chasse sont très fréquents en Algérie. Les plus fréquents selon un grand nombre d'éleveurs est celui entre les males de race lévrier Espagnol et les femelles de race Sloughi. Généralement le cas contraire est très rare (Male Sloughi X Femelle Galgo). Le résultat de ce croisement conçu par les chasseurs et les organisateurs de courses de chiens est un chien avec de très grandes performances de chasse et de course, rassemblant la rapidité du Galgo et l'endurance du Sloughi, l'annulation des tares de chaque race est dû à la vigueur hybride. Les individus issus de ce croisement sont parfois difficiles à identifier à l'œil nu sauf s'il y a intervention d'un connaisseur. Ci-dessous une photo d'un male Galgo croisé Sloughi prise à Sidi Bel Abbès.



**Figure 5.** Photo d'un chien Galgo croisé Sloughi

---

## Chapitre IV : Généralités sur la race SLOUGHI

### 1. Notions historiques

Selon les travaux de Dr. Dominique Caprona, une scientifique célèbre pour ses travaux sur les chiens et particulièrement sur les lévriers, le lévrier du peuple d'Afrique du nord est le Sloughi, et un autre lévrier africain, l'Azawakh, le lévrier des Touareg, une tribu vivant dans le Sahara d'Afrique du nord. L'Afrique du Nord était déjà habitée par les Berbères 3000 ans avant J.-C., à l'époque de l'Égypte primitive, selon les documents les plus anciens. La savane du Sahara était peuplée d'hommes il y a environ 8 000 ans. Il n'est pas encore clair comment les autres cultures nord-africaines et leurs chiens se rapportent au Sloughi. Les Garamantes, descendants des pasteurs berbères et sahariens, étaient une civilisation importante dans le désert du Sahara, surtout dans le sud-ouest de la Libye (Fazzan). Ils se trouvaient dans cette région depuis environ 1000 avant JC et commerçaient avec les Romains. Huit importantes villes de Garamantes ont été récemment découvertes et sont en train d'être fouillées. Au fil des siècles, les pays berbères ont été victimes de différentes invasions, dont l'invasion arabe n'en est qu'une. La puissante Carthage (aujourd'hui Tunis) a été fondée par les Phéniciens (venant de Phénicie, nom grec du pays et du peuple qui résidait sur la côte syrienne dans l'Antiquité, à l'extrémité orientale de la mer Méditerranée) jusqu'à ce que les Romains battent Hannibal et en prennent le contrôle en 202 av. J.-C. Les mosaïques romaines et les gravures sur pierre du musée du Bardo à Tunis indiquent que des lévriers lisses étaient présents en Tunisie avant l'arrivée des Arabes en Afrique du Nord. Ces mosaïques ne nous permettent cependant pas de savoir si ces lévriers à poils lisses sont arrivés avec les Romains ou s'ils étaient locaux et simplement utilisés par les Romains pour la chasse. Les photos ci-dessous sont prises par Dr. Caprona et ont été récupérées de la page officielle « *Preserving the Sloughi* » dont le lien est mentionné dans les références électroniques à la fin de ce manuscrit.



**Figure 6.** Scène de chasse d'une mosaïque romaine



**Figure 7.** Gravures romaines sur pierre, Musée du Bardo, Tunis, Tunisie

Le Sloughi d’Afrique du nord est très souvent confondu avec les chiens courants du moyen orient. Cette confusion entre le sloughi d’Afrique du Nord et le lévrier lisse du Moyen-Orient et plus tard le lévrier lisse d’Afghanistan après la Seconde Guerre mondiale semble n’avoir été fondée que sur la ressemblance superficielle de l’aspect de ces races : un lévrier lisse et aux oreilles tombantes, qu’il soit d’Afrique du Nord, d’Arabie ou d’Afghanistan.

Nous n’aurons jamais une connaissance précise de la transformation du Sloughi ou du Lévrier d’Afrique du Nord en ce qu’il est aujourd’hui. Cependant, quel que soit son véritable passé, il s’agit d’une race de lévrier africain à poil toujours lisse. S’il avait été étroitement lié aux lévriers du moyen orient ou s’il en était récemment descendu, il présenterait aussi une variété à poil long comme le cas chez le Saluki, ou deux variétés existent, le Saluki à poils long, appelé « *Errichi* » et le Saluki à poils courts appelé « *El Hass* » dans le langage courant des éleveurs, sinon, il partagerait avec eux une grande partie de leur ADN mitochondrial, ce qui n’est pas le cas.

Ainsi, pour conclure, toute préservation sérieuse du Sloughi devrait se porter sur les chiens tels qu’ils sont encore élevés traditionnellement en Afrique du Nord, et s’abstenir d’intégrer ou de continuer l’élevage de chiens provenant ou venus de zones géographiques en dehors de l’Afrique.

## **2. Couleurs du Sloughi**

Chez le Sloughi, la couleur de la robe varie du sable clair au sable roux en passant par toutes les nuances, avec ou sans masque noir, avec ou sans manteau noir, avec ou sans bringuères noires, avec ou sans charbonnières.



Tous les standards établis que ce soit par la Fédération Cynologique Internationale ou bien par l'American Kennel Club reconnaissent toutes les variantes du sable clair (fauve) au fauve rouge.

Les marques noires sont le manteau noir, le bringé et le masque noir. Génétiquement, le manteau noir, le bringé et le masque noir sont hérités indépendamment les uns des autres et se retrouvent sur toutes les couleurs de robe du Sloughi allant du sable très pâle au fauve rouge. Ils peuvent apparaître ensemble ou séparément ou être totalement absents. Les dilutions de noir, chocolat ou bleu, bien qu'elles existent, ne sont pas acceptées par le standard de la FCI. Parfois, les sloughis présentent l'inverse d'un manteau noir, le dessous étant foncé dans les zones où un manteau noir aurait des marques fauves. Étant donné que ce motif n'est pas transmis directement à la progéniture, il semble qu'il doive être hérité de manière récessive. Le revêtement foncé se retrouve sur les robes unies et les robes tigrées et sa densité varie. Il a également tendance à s'estomper avec l'âge. En général, le haut de la queue est couvert de poils noirs.

La couleur noire unie n'existe pas mais d'après certains éleveurs, cette couleur existait mais vu les croyances et les dogmes de certaines tribus dont on pensait que le chien noir était maudit, cette couleur n'était plus utilisée et tous les individus noirs étaient privés de reproduction ce qui a conduit à leur disparition.

La couleur blanche, souvent confondu avec la couleur sable clair existe mais n'est pas reconnue par la FCI. Pas de particolored ni de taches blanches étendues chez le Sloughi.

Au niveau de la tête, le Sloughi peut avoir un museau avec la même couleur du reste de son corps comme il peut avoir un museau pigmenté, c'est ce que nous appelons le masque. Ce type de pigmentation concerne aussi les oreilles.

Les yeux du Sloughi doivent être grands, ambre en cas de robe claire, le bord des paupières est généralement pigmenté donnant l'impression que le chien a mis du khôl. La couleur très claire des yeux n'est pas acceptée et est considérée comme un défaut majeur.

### **3. Maladies fréquentes chez le Sloughi**

Des anomalies peuvent survenir chez les chiens de différentes races, voire chez les chiens croisés. Fréquemment, ces problèmes de santé sont invisibles pour la personne ordinaire et ne peuvent être repérés que par des examens vétérinaires et des tests de dépistage.

Chez la race Sloughi, il existe deux maladies très fréquentes, l'hypothyroïdie et l'Atrophie rétinienne progressive (Dodds, 2011).

*L'hypothyroïdie* : est un trouble endocrinien courant chez le chien. Le diagnostic de l'hypothyroïdie est établi sur la base des signes cliniques, de l'examen physique, des tests de laboratoire de la fonction thyroïdienne et de l'exclusion des maladies non thyroïdiennes (Kantrowitz et al., 1999 ; Scott et al., 2001 ; Boretti et al., 2006). Les concentrations de base d'hormones thyroïdiennes peuvent être influencées par de nombreux facteurs tels que les médicaments (Daminet & Ferguson, 2003), les maladies non thyroïdiennes (von Klopmann et al., 2006), les courses et l'entraînement (Hill et al., 2001), ainsi que la taille et l'âge (Reimers et al., 1990). La concentration sérique de thyroxine varie également selon la race. Il a été rapporté que les lévriers et les Whippets ont des concentrations sériques totales de thyroxine inférieures à celles des races autres que les lévriers (Gaughan & Bruyette, 2001 ; Van Geffen, 2006). Chez les lévriers, une réponse différente à la stimulation de la TSH a également été observée par rapport aux autres races (Gaughan & Bruyette, 2001).

*L'Atrophie rétinienne progressive* : L'Atrophie Progressive de la Rétine est une maladie de l'oeil qui touche énormément de races, à plus ou moins grande échelle (exemples : Welsh corgi, Sloughi, Setter irlandais, Siberian Husky, Samoyède, Mastiff, Braque allemand, etc.) (Dodds, 2011).

La PRA *pde6b* (spécifique au Sloughi) aboutit progressivement à une atrophie de la rétine de l'œil. Au fur et à mesure que la pathologie évolue, le chien peut devenir aveugle. Cette maladie est due à une mutation au niveau du gène qui code pour l'enzyme phosphodiesterase 6B. Cette mutation est une insertion de 8 pb (c.2447insTGAAGTCC) au niveau de l'exon 21 du gène *PDE6B*. Cette maladie est transmise par un mode autosomique récessif (Dekomien et al., 2000).

Des kits de dépistage spéciaux sont disponibles tels que ANTAGENE et Embark.

#### **4. Le Sloughi en Algérie et l'Association Nationale pour la Protection du Sloughi et de la Faune Sauvage (ANPSFS)**

Le Sloughi existe depuis des siècles en Algérie comme mentionné auparavant, beaucoup de programmes de préservation de la race ont été mis en place après le commencement de la dégradation de la race depuis la période coloniale et passant par la décennie noire ou un grand nombre d'éleveurs ont laisser tomber ce patrimoine pour plusieurs raisons. Parmi ces programmes, nous retrouvons la fondation du « SLOUGHI CLUB D'ALGER » a été reconnu par la Wilaya d'Alger, le 12 octobre 1988 (N° d'enregistrement 1205). Les buts fixés sont au nombre de six : Réhabilitation du sloughi dans son pays d'origine, promotion et contrôle de l'élevage, organisation d'épreuve de chasse à vue, organisation d'épreuve de poursuite à vue



sur leurre, organisation de course sur cynodrome suivant les normes de la Fédération Cynologique Internationale (F.C.I.), organisation de concours de beauté (Chalet, 1998). Il y avait aussi la construction du chenil du sloughi à l'Hippodrome de Zemmouri, Novembre 1989.

Ci-dessous deux timbres postaux algériens émis le 24 Novembre 1983 contenant des Sloughis



**Figure 8.** Timbre postaux algériens datant de 1983 (Chalet, 1998)

L'Association Nationale pour la Protection du Sloughi et de la Faune Sauvage (ANPSFS) a été créée en 2021 sous la présidence de M. ALIM Abdelaziz originaire de la Wilaya de Djelfa et dont le siège est à Alger. Cette association possède plusieurs sections dans différentes Wilaya du Pays dont, Tlemcen, Sidi Bel Abbès, Tissemsilt, Djelfa, Médéa, M'sila et Oued Souf.

Les objectifs primordiaux de cette association sont :

- La préservation de la race du Sloughi Algérien
- La lutte contre les croisements anarchiques des chiens Sloughi avec les races invasives
- Limiter l'utilisation des races invasives comme le Galgo et le greyhound
- Interdire le trafic de Sloughi et sa vente en dehors des frontières du pays
- Le recensement des Sloughis
- Création d'un standard officiel de la race *Sloughi Algérien*
- La lutte contre la surchasse et la chasse clandestine
- Organisation de campagnes de sensibilisation

Ci-dessous quelques photos du huitième séminaire international (MGIBR) organisé à Tlemcen au niveau de la faculté des sciences de la nature et de la vie et sciences de la terre et de l'univers (SNV/STU) le 25 et 26 Mai 2022 par le laboratoire de génétique appliquée en agriculture, écologie et santé publique (GenApAgiE) dont l'intitulé était « Le Sloughi Algérien, un patrimoine en voie d'extinction ». L'association Nationale pour la Protection du Sloughi et de la Faune Sauvage était un partenaire officiel et a contribué à la réussite de cet événement avec l'Association Cynologique Algérienne (ACA).



**Figure 9.** Photo de deux Sloughi de la wilaya de M'sila



**Figure 10.** Ouverture de l'évènement en présence du recteur de l'université, de la doyenne de la faculté, du président de l'ANPSFS et quelques élèves



**Figure 11.** Photo en groupe des participants au huitième séminaire MGIBR en Mai 2022

***DEUXIEME PARTIE :***  
***PARTIE EXPERIMENTALE***

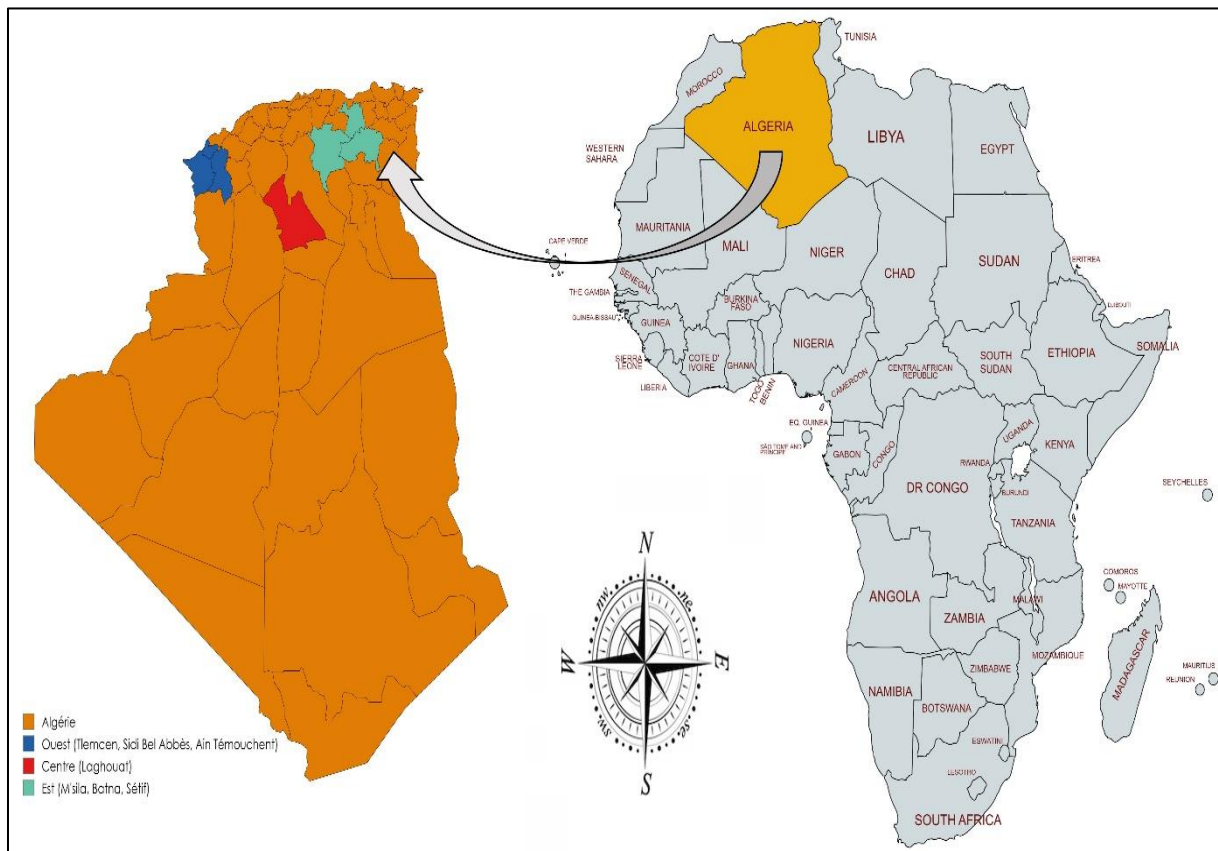
***MATERIELS ET  
METHODES***



**Chapitre I : Caractérisation morphométrique des populations du chien Sloughi en Algérie**

**1. Zone d'étude**

Notre travail a été réalisé au niveau de différentes Wilayas d'Algérie dont Tlemcen, Sidi Bel Abbès et Ain Témouchent représentant la région Ouest (en bleu), Laghouat représentant la région Centre (en rouge) et M'sila, Batna et Sétif représentant la région Est (en vert) comme le montre la figure 12. Ces Wilayas sont célèbres par le nombre important d'éleveurs de chiens de chasse et de Sloughi et nous ont été conseillées par l'Association Nationale pour la Protection du Sloughi et de la Faune Sauvage (ANPSFS).



**Figure 12 : Carte géographique montrant les sites d'échantillonnage.**

**2. Population d'étude**

**2.1. Choix des animaux**

Pour étudier les différentes populations d'animaux sur le plan morphologique ou génétique, il est indispensable que l'échantillonnage soit bien fait et bien précis. Un autre point très important concerne la taille de l'échantillon, plus elle est grande plus les résultats tendent vers l'exactitude. La distance géographique est aussi l'un des paramètres à prendre en considération afin d'éviter l'utilisation d'individus apparentés et obtenir des résultats biaisés.

Généralement, l'utilisation d'un intervalle de 20 à 50 individus de chaque race ou de chaque région est fortement recommandée. Le nombre d'individus échantillonnés dépend de la liaison entre eux, en d'autres termes, si les individus sont apparentés, le nombre peut être réduit, par contre si les individus sont non apparentés le nombre devient plus important (Nei et Roychoudhury, 1974 ; Nei, 1978). La FAO a toujours préconisé l'utilisation de zones géographiques différentes avec un nombre d'individus représentatif de la population étudiée (Parker et al., 2004).

## **2.2. Echantillonnage des différentes populations**

105 chiens Sloughi ont fait l'objet de cette étude, tous adultes et présumés de race pure selon les informations présentées par les propriétaires, le manque de documents officiels (Pédigrée et certificats de naissance de chaque chien) a ralenti l'avancement de l'enquête qui a duré de 2019 à 2023. La plupart des individus (85% environ) n'étaient pas encore enregistrés au sein de l'ANPSFS. Les chiens utilisés étaient en bonne santé avec la confirmation des vétérinaires qui nous accompagnaient sur le terrain, les propriétaires des chiens nous avaient autorisé à faire des manipulations sur leurs chiens que ce soit les mesures des différentes parties du corps de l'animal ou les prélèvements sanguins. La répartition des individus en fonction des Régions, des Wilayas et du sexe est présentée dans le tableau 1.

**Tableau 1** : Origine et nombre d'individus étudiés

<b>Région</b>	<b>Wilaya</b>	<b>Sexe</b>	
		<b>Male N = 62</b>	<b>Femelle N = 43</b>
<b>Est</b>	M'sila	10	7
	Batna	4	1
	Sétif	6	2
<b>Centre</b>	Laghouat	16	19
	Tlemcen	17	10
<b>Ouest</b>	Sidi Bel Abbès	5	4
	Ain Témouchent	4	0
<b>Totale</b>		<b>105</b>	



**Figure 13 :** Exemple de Sloughi de la Wilaya de Laghouat



**Figure 14 :** Exemple de Sloughi de la Wilaya de Tlemcen

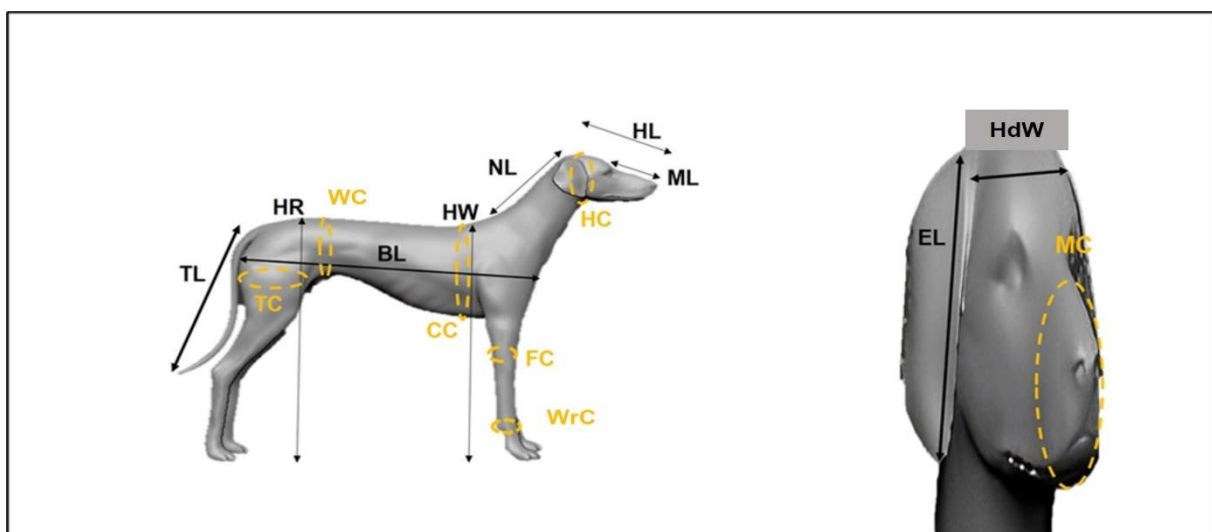
### **3. Analyse morphométrique**

#### **3.1. Mensurations corporelles et indices corporels**

##### **3.1.1. Mensurations corporelles**

Nous nous sommes inspirés des travaux d'autres chercheurs (Valdez & Valencia, 2004 ; Elmaz *et al.*, 2006 ; González *et al.*, 2011 ; Yilmaz & Ertugrul, 2011 ; Emehelu *et al.*, 2012 ; Oğrak *et al.*, 2014 ; Thuller *et al.*, 2015 ; Cecchi *et al.*, 2015 ; Çelik & Yilmaz, 2018 ; Urosevic *et al.*, 2020a ; Urosevic *et al.*, 2020b ; Özkul *et al.*, 2021, Haddam *et al.*, 2021, Haddam *et al.*, 2024a, Haddam *et al.*, 2024b, Haddam *et al.*, 2024c), de standards officiels de chiens établis par la Fédération Cynologique Internationale (FCI) et le American Kennel Club (AKC) et de témoignages de certains éleveurs pour le bon choix des paramètres morphométriques qui ont fait l'objet de cette étude. 16 paramètres morphométriques (en cm) et le poids vif des chiens (**LW**) (en kg) ont été utilisés dans cette étude, ces paramètres morphométriques sont : la hauteur au garrot (**HW**), la hauteur de la croupe (**HR**), la longueur de la tête (**HL**), la largeur de la tête (**HdW**), la longueur du museau (**ML**), la longueur des oreilles (**EL**), la longueur de la nuque (**NL**), la longueur du corps (**BL**), la longueur de la queue (**TL**), la circonférence du museau (**MC**), la circonférence de la tête (**HC**), la circonférence thoracique (**CC**), la circonférence abdominale (**WC**), la circonférence de la cuisse (**TC**), la circonférence de l'avant-bras (**FC**) et la circonférence du poignet (**WrC**), les détails de ces paramètres sont présentés dans la figure 15.

**Remarque :** *en matière d'anatomie, certains paramètres n'obéissent pas aux appellations internationales comme la longueur du chanfrein qui est substituée par la longueur du museau et la longueur scapulo-ischiale qui est remplacée par la longueur du corps.*



**Figure 15 :** Les mensurations corporelles utilisées



### **3.1.2. Indices corporels**

10 indices corporels ont été calculés et utilisés dans la présente étude. Le choix de ces indices été lié à différents travaux de recherches sur les chiens (Drobnjak et al., 2010 ; Drobnjak et al., 2012, utilisés par Oğrak et al., 2014 ; Frąckowiak et al., 2021), aux standards officiels établis par la Fédération Cynologique Internationale (FCI) et le American Kennel Club (AKC) et surtout aux différentes méthodes de sélection et de diagnostic utilisées par les éleveurs (méthodes archaïques).

Par exemple, la longueur des oreilles du Sloughi dit *hor* doit avoir la même dimension que la largeur de la tête et la moitié de la longueur de la tête approximativement.

Les formules utilisées pour le calcul de chaque indice sont présentées ci-dessous :

- Indice de masse (IM) =  $\frac{CC}{HW} * 100$
- Indice tête-museau (MHI) =  $\frac{ML}{HL} * 100$
- Indice de format (FI) =  $\frac{BL}{HW} * 100$
- Indice de profil (WRI) =  $\frac{HW}{HR} * 100$
- Indice céphalique (CI) =  $\frac{HdW}{HL} * 100$
- Indice tête-nuque (HNI) =  $\frac{HL}{NL} * 100$
- Indice corps-queue (BTI) =  $\frac{TL}{BL} * 100$
- Indice oreilles-longueur de la tête (EHLI) =  $\frac{EL}{HL} * 100$
- Indice osseux (BI) =  $\frac{WrC}{HW} * 100$
- Indice oreilles-largeur de la tête (EHWI) =  $\frac{EL}{HeW} * 100$

## **4. Matériels utilisés**

Les mesures des différentes parties du corps de l'animal ont été réalisées à l'aide d'une toise pour les hauteurs (garrot (**HW**) et croupe (**HR**)), d'un ruban mètre pour la longueur de la tête, la longueur du museau (**ML**), la longueur des oreilles (**EL**), la longueur de la nuque (**NL**), la longueur du corps (**BL**), la longueur de la queue (**TL**), la circonférence du museau (**MC**), la circonférence de la tête (**HC**), la circonférence thoracique (**CC**), la circonférence abdominale (**WC**), la circonférence de la cuisse (**TC**), la circonférence de l'avant-bras (**FC**) et la circonférence du poignet (**WrC**) et d'un pied à coulisse pour la largeur de la tête (**HdW**).

Le poids vif des chiens (**LW**) a été mesuré à l'aide d'une balance électronique d'une précision de ( $\pm 100g$ ).

## **5. Logiciels**

### **5.1. Microsoft Excel 2016 pour Windows**

Microsoft Excel est un logiciel tableur destiné à fonctionner sur différents systèmes d'exploitation tels que Android, Mac OS X et Microsoft Windows. Ce logiciel est très utilisé pour la gestion des bases de données, la finance, la comptabilité et la logistique. Excel intègre plusieurs fonctions dont les calculs numériques, les représentations graphiques, l'analyse de données et même la programmation en utilisant les macros écrites dans le langage VBA ([www.microsoft.com](http://www.microsoft.com)).

### **5.2. SAS (Statistical Analysis System)**

SAS – Système d'Analyse Statistique – est un programme intégré qui offre une vaste palette de méthodes d'analyse en Statistique. Originaire des États-Unis, il a été créé par la société SAS Institute Inc., située à Cary, en Caroline du Nord, et a été très populaire depuis sa commercialisation en 1976 dans de nombreuses industries. Les modules logiciels du système SAS sont conçus pour gérer et analyser statistiquement de grands volumes de données (tableaux de plusieurs giga-octets) et produire des rapports de synthèse.

Il existe des versions identiques de SAS pour les environnements Unix et Windows depuis 1990. Depuis 2004, la version V9 (2003) est commercialisée en France et sa dernière version V9.3 est sortie en juillet 2011 (Lejeune, 2012).

Dans le domaine professionnel, SAS est largement utilisé, notamment dans le domaine de la santé (laboratoires pharmaceutiques, hôpitaux, CRO, Sécurité Sociale, mutuelles...), ainsi que dans le domaine bancaire, les assurances, les sociétés d'enquête, d'études de marché, les grandes industries et les administrations. Certaines offres d'emploi indiquent que la maîtrise de SAS est indispensable (Grégoire et al, 2012).

### **5.3. Logiciel R**

R est un programme de statistique développé par Ross Ihaka et Robert Gentleman. Il s'agit d'un langage informatique et d'un environnement de travail : les commandes sont réalisées à l'aide d'instructions codées dans un langage relativement simple, les résultats sont affichés sous forme de texte et les graphiques sont visualisés directement dans une fenêtre qui leur est propre. Il s'agit d'un équivalent du logiciel S-plus qui repose sur le langage de programmation orienté objet S, créé par AT&T Bell Laboratories en 1988. Ce programme a pour fonction de traiter des données, de créer des graphiques et d'effectuer des analyses statistiques sur ces informations. En premier lieu, R est un logiciel libre et à code source libre (open source). Il est compatible avec UNIX (et Linux), Windows et Mac. Il s'agit ainsi d'un logiciel multiplateforme. Il est créé dans la lignée des logiciels libres grâce à une communauté de bénévoles motivés qui ne cesse

de croître. Chaque individu a également la possibilité de contribuer à son amélioration en y ajoutant de nouvelles fonctionnalités ou méthodes d'analyse qui n'ont pas encore été mises en place. Cela en fait donc un logiciel qui évolue rapidement et en permanence. Il s'agit également d'un outil extrêmement puissant et très exhaustif, particulièrement adapté pour l'application informatique de méthodes statistiques (De Micheaux et al., 2011).

## **6. Analyses statistiques**

Toutes les données collectées ont été introduites dans une grille Excel, le fichier contenant a été enregistré au format CSV.

Les données de notre travail ont été analysées à l'aide des deux logiciel SAS et R, nous avons utilisé SAS dans l'article de recherche que nous avons publié et les méthodes utilisées étaient comme suit :

La procédure UNIVARIATE du programme statistique SAS (1999) a été utilisée pour vérifier la normalité des données. Ensuite, la procédure GLM du même logiciel a été utilisée pour faire des analyses de variance et pour obtenir les moyennes des pour les caractères étudiés. Le test de comparaison multiple de Duncan a été utilisé pour tester les différences entre les moyennes significatives. Les corrélations phénotypiques entre les variables ont également été obtenues en utilisant les procédures PROC CORR dans SAS (1999).

Les modèles mathématiques utilisés pour l'analyse de la variance sont présentés ci-dessous :

Modèle utilisé pour les indices de poids et de mensurations :

$$Y_{ijkl} = \mu + a_i + b_j + e_{ijkl}$$

Modèle utilisé pour la mesure du corps

$$Y_{ijkl} = \mu + a_i + b_j + \beta_1(X_i - \bar{X}) + e_{ijkl}$$

Où ;

$Y_{ijkl}$  = Observations pour les mesures corporelles, le poids et les indices corporels

$\mu$  = Moyenne du trait (Mensuration)

$a_i$  = Effet fixe du sexe (i = mâle et femelle)

$b_j$  = Effet fixe de la région (j = Est, Centre, Ouest)

$\beta_1$  = Coefficient de régression du poids vif

$\bar{X}$  = Poids vif moyen

$X_i$  = poids vif

$e_{ijk}$  and  $e_{ijkl}$  = Erreurs aléatoires avec l'hypothèse de NN (0,  $\sigma^2$ ).

Des équations d'estimation des poids vifs avec analyse de régression linéaire multiple utilisant certaines mesures corporelles en fonction de la région puis en fonction du sexe et de la région ont été obtenues en utilisant la procédure de régression multiple pas à pas dans SAS (1999). Le modèle de régression linéaire ci-dessous a été utilisé pour les équations d'estimation :

$$\hat{y}_i = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_i x_i$$

$$\hat{\beta}_0 = \text{Constante}$$

$$\hat{\beta}_i = \text{Regression coefficient}$$

$x_i$  = Mensurations corporelles

$x_1$  = Hauteur de la croupe (HR)

$x_2$  = Hauteur au garrot (HW)

$x_3$  = Largeur de la tête (HeW)

$x_4$  = Longueur du corps (BL)

$x_5$  = Circonférence de la cuisse (TC)

$x_6$  = Circonférence thoracique (CC)

Le même travail a été repris avec le logiciel R version 4.3.1 pour Windows et dont les résultats (Tableaux et figures) figureront dans le présent manuscrit.

### **6.1. Analyses descriptives**

Les paramètres utilisés dans la population étudiée ont été décrits en utilisant le Package *Psych* et la fonction *describe*. Ce type d'analyse est très basique et indispensable. Le coefficient de variation (CV), utilisé pour avoir une idée sur la dispersion des observations autour de la moyenne pour chaque paramètre a été calculé manuellement.

### **6.2. Analyses inférentielles**

L'effet du sexe sur les mensurations corporelles et les indices corporels a été vérifié à l'aide du test paramétrique de Student pour échantillons indépendants. Ce type de test ne nécessite aucun package.

L'effet de la région sur les mensurations corporelles et les indices corporels a été vérifié à l'aide de l'analyse de la variance à un facteur (One-Way ANOVA) suivie d'un test de comparaisons multiple de Tukey (Tukey-HSD) afin de repérer le groupe qui diffère le plus des autres (si le résultat de l'ANOVA était significatif). Ce type de test (TCM) nécessite l'installation et le chargement de certains packages dont *dplyr* et *multcompView*.

Le package *dplyr* a été utilisé dans le but de construire un tableau avec les données résumées (moyenne et écart type).

Le package *multcompView* a été utilisé pour l'affichage de lettres compact (*superscript letters*) pour indiquer les différences significatives dans le test de Tukey. L'utilisation de lettres pour indiquer des différences significatives dans des comparaisons par paires est appelée aussi l'affichage compact des lettres et peut simplifier la visualisation et la discussion des différences significatives entre les moyennes. Nous avons utilisé la fonction `multcompLetters4` du package `multcompView`. Les arguments sont l'objet d'une fonction (*aov*) et l'objet de la fonction (*TukeyHSD*).

### **6.3. Analyses multivariées**

#### **6.3.1. Analyse en composantes principales (ACP)**

L'ACP est une méthode multivariée appelée interdépendance, car il n'y a pas de variable dépendante ou indépendante préalablement identifiée. Un autre élément essentiel de l'ACP est qu'il n'existe aucune hypothèse nulle à tester ou à vérifier. Cette technique permet de condenser l'information contenue à l'intérieur d'un grand nombre de variables en un nombre restreint de nouvelles dimensions tout en assurant une perte minimale d'informations (Hair et al., 1998). L'ACP simplifie la taille d'une donnée multivariée en réduisant ses composantes principales à deux ou trois, qui peuvent être représentées graphiquement (Kassambara, 2017).

L'ACP a été appliquée sur notre jeu de données pour essayer d'obtenir un maximum d'informations concernant la répartition des individus en fonction des groupes de variables. Avant tout, les données ont été standardisées car dans l'Analyse en Composantes Principales, cette étape est fortement recommandée et appelé (*scaling*) en anglais qui est littéralement traduite à (mise à l'échelle), et ce, parce que les données étaient de grandeurs différentes avec des unités de mesures différentes, centimètre pour les mensurations et kilogramme pour le poids vif des chiens, sinon, les résultats obtenus seront gravement affectés.

La standardisation des données est une méthode couramment employée pour analyser les données d'expression génique avant l'utilisation de l'ACP et de l'analyse de classification. Il se peut également que nous souhaitions étendre les données lorsque la moyenne et/ou l'écart type des variables diffèrent considérablement. Pendant la mise à l'échelle (standardisation) des variables, il est possible de modifier les données de la manière suivante :

$$x' = \frac{x_i - \text{moyenne}(x)}{ET(x)}$$

Où,  $x_i$  est la valeur du paramètre chez l'individu  $i$ , et  $ET$  est l'écart-type du paramètre  $x$ .

L'exécution des différentes opérations a nécessité l'installation et le chargement des deux packages, *FactoMineR* et *factoextra* pour les statistiques et la visualisation des différents graphiques.

### **6.3.2. Classification hiérarchique sur les composantes principale (HCPC)**

En général, les techniques de classification servent à étudier des données variées. Le but principal est soit de repérer des groupes d'individus partageant des caractéristiques communes, soit de diviser les individus en plusieurs groupes en fonction de caractéristiques communes.

En résumé, les deux méthodes de regroupement (clustering) les plus fréquentes sont :

- ❖ La classification hiérarchique, employée afin de repérer des groupes d'observations similaires dans un ensemble de données.
- ❖ Le partitionnement en cluster, comme l'algorithme k-means, est employé pour séparer un ensemble de données en plusieurs groupes (Kassambara, 2017).

L'approche HCPC (Classification Hiérarchique sur les Composantes Principales en anglais Hierarchical Clustering on Principal Components) combine les trois méthodes courantes employées dans les analyses de données multivariées : les méthodes des composantes principales (ACP, ACM, AFDM, AFM), la classification hiérarchique et le partitionnement du clustering, en particulier la méthode des K-means (Husson, Josse, and J. 2010).

La combinaison des méthodes des composantes principales et des méthodes de classification est utile très lorsque les variables sont continues, l'étape de l'ACP peut être considérée comme une étape de débruitage pouvant conduire à un clustering plus stable. Cela peut être très utile si nous disposons d'un vaste ensemble de données comportant plusieurs variables.

La méthode HCPC, telle qu'elle est mise en œuvre dans le package *FactoMineR*, est résumée comme suit : Méthodes de calcul des composantes principales : selon les types de variables présentes dans l'ensemble de données et la structure de l'ensemble de données, il existe différentes méthodes de calcul des composantes principales. En ce moment, il est possible de sélectionner le nombre de dimensions à maintenir dans la sortie en indiquant l'argument *npc*. La valeur initiale est de 5 et dans la plupart des cas nous nous limitons aux deux premières composantes. Calculer la classification hiérarchique : La hiérarchisation est réalisée en se basant sur la distance de Ward pour les composantes principales choisies. Le regroupement hiérarchique utilise le critère de Ward car il repose sur la variance multidimensionnelle, tout

comme l'analyse en composantes principales. Sélectionner le nombre de classes en fonction de la structure hiérarchique : Un premier partitionnement est effectué en coupant l'arbre hiérarchique. Effectuer un clustering K-means : L'objectif est d'améliorer la partition initiale obtenue à partir de la hiérarchie. Après avoir consolidé avec k-means, la solution de partitionnement finale peut être légèrement différente de celle obtenue avec le clustering hiérarchique.

Finalement, nous pouvons obtenir un nombre bien précis de classes, chacune d'entre elles est représentée par un certain nombre de paramètres (variables), probablement toutes, et par un nombre bien précis d'individus dont la position est proche du centre de chaque classe à laquelle ils appartiennent.

### **6.3.3. Etude des corrélations et analyse de régression linéaire multiple**

L'analyse de corrélation est très utile pour étudier l'association entre deux variables ou plus. Le coefficient de corrélation de Pearson  $r$  évalue une dépendance linéaire entre deux variables. On le désigne également sous le nom de test de corrélation paramétrique car il dépend de la répartition des données. La mesure des corrélations entre les mensurations corporelles et le poids vif des chiens a été réalisée dans le but de repérer les variables qui ont une liaison forte avec le poids dans le but de proposer des modèles mathématiques qui nous permettent d'estimer le poids des chiens à partir de ces paramètres. Le package *metan* a été utilisé pour construire des cartes thermiques contenant le coefficient de corrélation de Pearson ( $r$ ) et la valeur de probabilité (p-value). Ces cartes facilitent la lecture et l'interprétation des résultats contrairement aux matrices (sous forme de tableaux), et ce, grâce à l'utilisation des couleurs. Le sens des corrélations est représenté par deux couleurs distinctes, le bleu représente le sens négatif (valeurs des corrélations entre 0 et -1) et l'orange représente le sens positif (valeurs des corrélations entre 0 et +1). Un autre indicateur très important facilite la lecture concernant la force des corrélations, c'est l'intensité de la couleur (plus la couleur est foncée plus la corrélation est forte, plus elle est claire plus la corrélation est faible).

Après l'étude des corrélations, une analyse de régression a été réalisée pour obtenir les modèles mathématiques adéquats (en fonction de notre base de données) pour l'estimation du poids des chiens en fonction des mensurations corporelles.

Au début, quatre packages ont été téléchargés et installés, *tidyverse*, *caret*, *leaps* et *MASS*. Le package *tidyverse* est généralement utilisé Afin de faciliter la manipulation et la visualisation des données, *caret* est utilisé pour un flux de travail d'apprentissage automatique facile, *leaps*

est utilisé pour calculer la régression pas-à-pas et enfin le package *MASS* est utilisé pour choisir automatiquement le meilleur modèle.

Le processus de régression pas à pas (ou sélection pas à pas) implique l'ajout et la suppression itérative de prédicteurs (ou variables prédictives) dans le modèle prédictif qui concerne la variable à prédire (dans notre cas, il s'agit du poids des chiens), dans le but de déterminer le sous-ensemble de variables dans l'ensemble de données qui donne lieu au modèle le plus performant, c'est-à-dire un modèle qui diminue les erreurs de prédiction. Il y a trois méthodes de régression graduelle qui sont très utilisées (James et al., 2014, P. Bruce and Bruce, 2017)

- ❖ La sélection directe : dont le modèle débute sans prédicteur, ajoute progressivement les prédicteurs les plus importants et s'arrête lorsque l'amélioration n'est plus statistiquement significative.
- ❖ La sélection rétrospective : qui débute par l'ensemble des prédicteurs du modèle (modèle complet), élimine progressivement les prédicteurs les moins importants et s'arrête lorsque vous avez un modèle où tous les prédicteurs sont statistiquement significatifs.
- ❖ Le remplacement par étapes (ou sélection par étapes) est une combinaison de choix avant et arrière. Il est préférable de débiter sans prédicteurs, puis d'ajouter progressivement les prédicteurs les plus pertinents (tels que la sélection directe). Une fois que chaque nouvelle variable a été ajoutée, il est nécessaire de retirer toutes les variables qui ne contribuent plus à l'ajustement du modèle (par exemple la sélection arrière).

**Remarque :** *Dans les domaines génomiques, la sélection directe et la sélection par étapes peuvent être utilisées dans la configuration de grande dimension, où le nombre d'échantillons ( $N$ ) est plus faible que le nombre de prédicteurs ( $p$ ).*

*Pour effectuer une sélection rétrospective, il est essentiel que le nombre d'échantillons  $n$  soit plus élevé que le nombre de variables  $p$ , afin de pouvoir ajuster le modèle complet.*

Dans notre étude la sélection rétrospective a été appliquée car notre base de données obéit aux exigences de cette méthode avec un nombre d'individus ( $N = 105$ ) supérieur au nombre de variables prédictives ( $p = 16$ ).

Généralement, après l'obtention du modèle, nous faisons référence au coefficient de détermination  $R^2$  (appelé aussi *score*) pour avoir une idée générale sur la robustesse et la



précision du modèle en fonction de la population étudiée, ce coefficient représente la dispersion des observations par rapport à la courbe de régression et ses valeurs sont comprises entre 0 et 1 ou exprimées en pourcentage entre 0 et 100 %. Un coefficient de détermination ( $R^2$ ) de 1 signifie que le modèle de régression explique pleinement la variance de la variable dépendante, ce qui indique une adéquation complète. Le  $R^2$  diffère de la corrélation en ce sens que, tandis que la corrélation évalue la force et la direction de la relation linéaire entre deux variables, le  $R^2$  se focalise sur la capacité d'une variable ou de plusieurs variables indépendantes à prédire la variation d'une variable dépendante. Cependant, il convient de souligner que même si un  $R^2$  élevé peut suggérer une adéquation satisfaisante du modèle, cela ne garantit pas forcément que les prédictions soient exactes ou que le modèle soit le plus adapté à des données particulières.

L'utilisation du  $R^2$  comme indicateur de la précision du modèle de régression a été largement critiqué par de nombreux statisticiens, cependant, l'utilisation généralisée du  $R^2$  conduit inévitablement à des abus (Anderson-Sprecher, 1994).

Malgré l'origine de la controverse sur  $R^2$  dans la littérature statistique d'après de nombreuses études (Kavalseth, 1985 ; Helland, 1987 ; Willett and Singer, 1988 ; Lavergne, 1996 ; Korn and Simon, 1991 ; Scott and Wild, 1991 ; McGuirk and Driscoll, 1995), cette controverse revêt une importance capitale pour tous les domaines de connaissances qui utilisent des modèles de régression linéaire.

D'après King (1986), La relation entre les variables indépendantes et la variable dépendante ne peut pas être établie à l'aide de  $R^2$ . Ce coefficient doit être accompagné d'autres indicateurs tel que le Coefficient de Corrélation de Concordance de Lin (Lin' CCC) qui est une bonne statistique qui mesure simultanément la précision des modèles de régression.

### **7. Mesure de la concordance des modèles de régression par les Statistiques de Lin (Coefficient de corrélation de concordance)**

Les statistiques de Lin ont été appliqués sur les modèles de régression qui présentaient la plus grande valeur du  $R^2$  que ce soit pour le modèle général, les modèles séparés du premier degré (en fonction de la région) ou les modèles séparés du deuxième degré (en fonction de la région et du sexe des chiens).

Le coefficient de concordance (CCC) introduit par Lin en 1989 pour évaluer la reproductibilité représente une évaluation de la comparaison d'un ensemble de données avec une mesure ou un test « de référence » (X). Il est également possible de comparer deux groupes de mesures sans avoir besoin de comparaison avec une valeur de référence. Dans cette situation, cette valeur de

référence ou échantillon de référence (étalon) serait remplacé par la deuxième série de mesures. On peut réaliser cette procédure sur des ensembles de données comprenant dix paires et plus.

Pour l'interprétation, il faut d'abord vérifier si les observations tracent une ligne qui forme un angle de  $45^\circ$  et passant par l'origine, ça veut dire que la concordance est parfaite et que chaque observation (X) est en parfaite concordance avec l'observation (Y) ou X représente la valeur observée ou mesurée et l'observation (Y) représente la valeur estimée. Ce coefficient fournit une valeur numérique unique comprise entre -1 et 1, où : Selon Altman (1991), nous devrions l'interpréter à l'approche d'autres coefficients de corrélation tels que celui de Pearson, avec une valeur de  $<0,2$  comme mauvais et une valeur de  $>0,8$  comme excellent. McBride (2005), au contraire, a proposé un autre ensemble d'interprétation, ( $>0.99$  : excellente,  $0.95$  à  $0.99$  : très bonne,  $0.90$  à  $0.95$  : modérée,  $<0.90$  : faible).

Afin d'évaluer la concordance entre les valeurs observées du poids vif des chiens avec les valeurs estimées, le package *epiR* a été utilisé dans le logiciel R.

---

**Chapitre II : (Constitution d'une biothèque d'ADN des populations de Sloughi en Algérie)**

**1. Principe de l'étude**

Les ressources génétiques représentent l'actif stratégique le plus précieux et le plus crucial. Si les espèces animales indigènes sont bien étudiées, elles pourraient potentiellement apporter une contribution beaucoup plus importante qu'elles ne le font actuellement à la production alimentaire et agricole, et répondre aux besoins humains (De Fercha, 2003).

En Algérie, il y a un manque total d'informations sur le Sloughi que ce soit sur le plan morphologique ou génétique, nous ne disposons d'aucune information sur l'état de la diversité génétique, l'origine et la structuration de populations de cette race de chien emblématique.

Afin de valoriser et de conserver les ressources génétiques du Sloughi en Algérie, il est impératif d'entreprendre des études génétiques permettant une caractérisation de l'ensemble des populations existantes sur le sol Algérien, et ce, en collaboration avec le représentant officiel de cette race qui est l'association Nationale pour la Protection du Sloughi et de la Faune Sauvage (ANPSFS).

**2. Choix des échantillons**

Les critères qui ont été remplis dans le chapitre 1 de ce travail concernant les animaux choisis sont les mêmes pour ce chapitre, en d'autres termes, tous les chiens étudiés sur le plan morphométrique vont être étudiés sur le plan moléculaire, ce qui permettra les études phénotype/génotype (GWAS) dans les plus brefs délais.

**3. Matériel utilisé pour le prélèvement sanguin**

Vu notre modeste expérience avec les chiens depuis notre prime enfance, la maîtrise des chiens n'a pas été difficile lors des différentes manipulations exercées sur cette espèce à l'exception des premiers prélèvements qui ont été assurés par un vétérinaire, une fois la technique acquise, nous nous sommes chargés de continuer le travail seuls. Toutes les mesures de sécurité ont été prises en considération tels que le port de la muselière et l'immobilisation des chiens dits imprévisibles de la part du propriétaire.

Le matériel est simple, nous avons utilisé du coton chirurgical trempé avec de l'alcool pour nettoyer la surface de prélèvement, la prise de sang a été réalisée à partir de la veine jugulaire à l'aide d'une seringue avec aiguille de 5 ml (Figure 16), le sang récupéré a été mis directement dans un tube EDTA contenant un anticoagulant puis rangé directement dans une glacière après avoir été étiqueté.

**Remarque :** Lors de toutes les manipulations, le port d'une blouse blanche, de gants médicaux et de bavettes était indispensable (figure 17).



**Figure 16 :** Prélèvement sanguin à partir de la veine jugulaire



**Figure 17 :** Manipulations avec précaution d'un étalon de Tlemcen

---

#### **4. Méthodes d'extraction de l'ADN**

L'extraction de l'ADN est l'étape primordiale pour toute étude de biologie moléculaire, cet ADN extrait est un mélange d'ADN nucléaire et d'ADN mitochondrial (cas des animaux) dont l'origine pourrait être des tissus, des liquides biologiques ou des follicules pileux. Dans notre cas, l'extraction de l'ADN a été faite à partir du tissu sanguin par la méthode NaCl (Annexe 1) appelée aussi « Salting-out » (Miller et al., 1988) dans le but de constituer une bibliothèque d'ADN afin de réaliser une caractérisation génétique des populations de Sloughi en Algérie. L'ADN obtenu a été stocké à -20°C.

Cette manipulation a été réalisée au niveau du laboratoire de Physiopathologie et biochimie de la nutrition (PpaBioNut) de l'université de Tlemcen.

Une autre méthode est en cours d'utilisation qui est basée sur l'utilisation d'un kit d'extraction (WiraSpin® Blood DNA Purification Kit). Ce kit (Figure 18) offre la possibilité d'isoler rapidement l'ADN total à partir de 1 à 250 µL de sang total anticoagulé frais ou congelé. L'ADN génomique peut également être préparé à partir de sérum, de plasma, de la moelle osseuse, de lymphocytes, de plaquettes et de fluides corporels grâce au kit WiraSpin® Blood DNA.



**Figure 18 :** Kit d'extraction Wiragen utilisé dans la constitution d'une bibliothèque d'ADN

L'extraction de l'ADN à l'aide du kit Wiragen a été réalisée au niveau du Laboratoire de génétique appliquée en agriculture, écologie et santé publique (GenApAgiE). Le protocole d'extraction contenu dans le pack commercial est annexé à ce manuscrit (Annexe 2).

# ***RESULTATS ET DISCUSSION***



**Chapitre I : Caractérisation morphométrique des populations du chien Sloughi en Algérie**

**1. Analyses descriptives (Mensurations corporelles et indices corporels)**

Pour l'ensemble des mensurations corporelles utilisées et les différents indices corporels calculés, les moyennes, les écarts-types, les coefficients de variation, les valeurs minimales et les valeurs maximales sont présentés dans le tableau 2.

**Tableau 2** : Statistiques descriptives de la population de Sloughi étudiée

<b>Variabes</b>	<b>N</b>	<b>Moyenne ± ET</b>	<b>CV (%)</b>	<b>Minimum</b>	<b>Maximum</b>
<b>HW</b>	105	70.53±4.84	6.87	58.80	81.40
<b>HR</b>	105	69.37±4.83	6.97	57.90	81.10
<b>HL</b>	105	24.77±1.72	6.96	20.40	28.80
<b>HdW</b>	105	12.89±0.85	6.65	10.70	14.80
<b>ML</b>	105	10.77±1.04	9.72	8.10	14.20
<b>EL</b>	105	12.59±1.31	10.41	9.80	15.90
<b>NL</b>	105	20.47±1.90	9.32	16.20	24.30
<b>BL</b>	105	67.82±4.62	6.83	56.80	76.40
<b>TL</b>	105	41.54±3.66	8.83	34.30	51.70
<b>MC</b>	105	21.45±1.64	7.65	17.20	25.70
<b>HC</b>	105	32.77±2.46	7.54	26.10	38.70
<b>CC</b>	105	70.75±5.13	7.26	55.10	80.50
<b>WC</b>	105	45.65±5.44	11.94	35.30	59.10
<b>TC</b>	105	34.22±2.98	8.73	23.90	41.10
<b>FC</b>	105	14.65±1.20	8.25	11.80	17.60
<b>WrC</b>	105	10.69±1.09	10.29	8.10	13.40
<b>LW</b>	105	22.17±2.52	11.39	17.00	30.00
<b>IM</b>	105	100.46±5.91	5.88	83.41	114.53
<b>FI</b>	105	96.28±4.80	4.99	86.25	111.79
<b>CI</b>	105	52.09±2.11	4.06	47.86	57.39
<b>BTI</b>	105	61.31±4.41	7.20	49.09	76.16
<b>BI</b>	105	15.16±1.26	8.36	12.03	18.91
<b>MHI</b>	105	43.55±3.69	8.50	35.06	57.49
<b>WRI</b>	105	101.70±2.53	2.49	94.32	108.61
<b>HNI</b>	105	121.73±10.86	8.92	98.67	152.63
<b>EHLI</b>	105	50.92±4.91	9.65	39.56	64.79
<b>EHWI</b>	105	97.90±10.27	10.49	74.24	122.40

**HW**: hauteur au garrot, **HR**: hauteur de la croupe, **HL**: longueur de la tête, **HdW**: largeur de la tête, **ML**: longueur du museau, **EL**: longueur des oreilles, **NL**: longueur de la nuque, **BL**: longueur du corps, **TL**: longueur de la queue, **MC**: circonférence du museau, **HC**: circonférence de la tête, **CC**: circonférence thoracique, **WC**: circonférence abdominale, **TC**: circonférence de la cuisse, **FC**: circonférence de l'avant-bras, **WrC**: circonférence du poignet, **LW**: poids vif, **IM**: Indice de masse, **FI**: indice de format, **CI**: indice céphalique, **BTI**: indice corps-queue, **BI**: indice osseux, **MHI**: indice tête-museau, **WRI**: indice de profil, **HNI**: indice tête-nuque, **EHLI**: indice oreilles-longueur de la tête, **EHWI**: indice oreilles-largeur de la tête, **N**: nombre de chiens, **ET**: écart type, **CV**: coefficient de variation.

**1.1. Mensurations corporelles**

---

Les résultats du tableau 2 nous montrent que les chiens étudiés sont de grande taille avec des hauteurs au garrot et à la croupe de 70.53 et 69.37 cm avec un rang de 58.80 à 81.40 et de 57.90 à 81.10 respectivement. Concernant les longueurs, la moyenne de la longueur de la tête est de 24.77 cm avec un écart-type de 1.72, quant à la largeur, la valeur moyenne est de 12.89 cm ce qui représente approximativement la moitié de la longueur. La moyenne de la longueur du museau est de 10.77 cm avec un rang de 8.10 à 14.20 cm, la longueur des oreilles est de 12.59 cm de moyenne avec un rang de 9.80 à 15.90 cm. Le rang de la longueur de la nuque est de 16.20 à 24.30 avec une moyenne de 20.47 cm. La longueur du corps a un rang de 56.80 à 76.40 avec une moyenne de 67.82 cm. La moyenne de la longueur de la queue est de 41.54 cm avec un rang de 34.30 à 51.70. Concernant les circonférences, le rang de la circonférence du museau est de 17.20 à 25.70 cm et sa moyenne est de 21.45 cm, pour la circonférence de la tête, sa moyenne est de 32.77 cm avec un rang de 26.10 à 38.70 cm. Pour la circonférence thoracique, le rang est de 55.10 à 80.50 cm avec une moyenne de 70.75 cm. La circonférence abdominale a une moyenne de 45.65 cm et un rang de 35.30 à 59.10 cm. La moyenne générale de la circonférence de la cuisse est de 34.22 cm et son rang était de 23.90 à 41.10 cm, l'avant-bras des chiens avait une moyenne de 14.65 cm avec un rang de 11.80 à 17.60 cm, quant au poignet sa circonférence moyenne avait une valeur de 10.69 cm avec un rang de 8.10 à 13.40 cm. Finalement, la population étudiée avait un poids vif moyen de 22.17 kg avec un rang de 17.00 à 30.00 kg.

## **1.2 Indices corporels**

Concernant les indices corporels calculés et étudiés, la population avait un indice de masse moyen de 100.46% dont le rang est de 83.41 à 114.53 %. Un rang de 86.25 à 111.79 % pour l'indice de format avec une moyenne de 96.28 %. L'indice céphalique de la population est de 52.09 % de moyenne avec un rang de 47.86 à 57.39 %, l'indice corps-queue a une valeur moyenne de 61.31 % et un rang de 49.09 à 76.16 %, pour l'indice osseux, sa valeur moyenne est de 15.16 % et un rang de 12.03 à 18.91 %. L'indice tête-museau de la population a une valeur de 43.55 % dont le rang est de 35.06 à 57.49 %. La moyenne de l'indice de profil est de 101.70 % et son rang est de 94.32 à 108.61 %. L'indice tête-nuque avait atteint une valeur moyenne de 121.73 % avec un rang de 98.67 à 152.63 %. L'indice oreilles-longueur de la tête et l'indice oreilles-largeur de la tête avaient une valeur moyenne de 50.92 et 97.90 % avec des rangs de 39.56 à 64.79 % et 74.24 à 122.40 % respectivement.

D'après les résultats du tableau, nous remarquons que toutes les valeurs du coefficient de variation sont comprises entre 2.49 % et 11.94 % ce qui veut dire que la distribution des valeurs



de chaque paramètre autour de sa moyenne est petite et que pour le paramètre WC, il existe probablement quelques valeurs un peu éloignées de la moyenne, et ce, en faisant référence à la valeur maximale du paramètre qui a pu atteindre 59.10 cm pour une moyenne de 45.65 cm.

Les résultats du tableau 2 peuvent nous conduire à dire que la population étudiée est de grande taille dépassant les 70 cm de hauteur au garrot qui est un paramètre très important pour identifier les classes des chiens (chiens de petite taille, chiens de taille moyenne et chiens de grande taille) malgré le fait que certains sujets avaient une hauteur de plus de 80 cm et qui sont qualifiés de Sloughi géants par les éleveurs, ces derniers ont confirmés que cette hauteur aussi importante n'avait aucun impact sur la santé des chiens comme le prétendent certains spécialistes et qui sont aussi d'excellents chasseurs. Les chiens étudiés ont un poids moyen, et ce, en rapport avec la hauteur au garrot qui est généralement un déterminant important du poids, en d'autres termes, d'autres races de chien (sauf certains lévriers) dont la hauteur au garrot dépasse les 70 cm font partie de la catégorie des chiens lourds. Les indices corporels calculés nous conduisent à dire que notre population a un indice de masse parfait de 100 %, avec un profil carré, une tête bien proportionnée pour une catégorie de chien dolichocéphale (1 :2), avec une longueur de queue qui représente 61 % de la longueur du corps, une ossature moyennement forte, une longueur de crane plus importante que celle du chanfrein, une tête plus longue que de la nuque. Vu de profil, la ligne du dos est pratiquement horizontale avec un rapport Garrot/Croupe de 101.70 %. Le rapport entre les dimensions de la tête et la longueur des oreilles nous laisse confirmer que la longueur des oreilles est égale à la moitié de la longueur de la tête et la même que la largeur de la tête. Ces deux derniers indices sont très utilisés par certains éleveurs qui pensent que c'est l'un des paramètres déterminant de la pureté du Sloughi, or, les résultats d'une étude menée par notre équipe qui consistait à faire une étude morphométrique comparative entre le Sloughi et le Galgo Espagnol croisé Sloughi ont montré que la différence entre ces deux groupes de chiens pour l'indice oreilles-longueur de la tête étaient non significative (Haddam *et al.*, 2024). Nous pouvons préconiser aux éleveurs que les méthodes de sélection archaïques sont très utiles mais elles doivent être jumelées aux méthodes de sélection purement scientifiques.

## **2. Analyses inférentielles**

Afin d'étudier l'effet du sexe sur les mensurations corporelles et les indices corporelle ainsi que l'effet de la région géographique, des statistiques inférentielles ont été appliquées.

### **2.1. Effet du sexe sur les mensurations corporelles et les indices corporels**

#### **2.1.1. Mensurations corporelles**

Les résultats du test de Student pour échantillons indépendants qui ont permis de comparer l'effet du sexe sur les mensurations corporelles sont présentés dans le tableau 3.

**Tableau 3** : Effet du sexe des chiens sur les mensurations corporelles

Variables	Sexe		P-value
	Males N=62	Femelles N=43	
<b>HW</b>	71.59±0.37	68.68±0.46	***
<b>HR</b>	70.35±0.39	67.61±0.48	***
<b>HL</b>	25.32±0.19	23.95±0.24	***
<b>HdW</b>	13.21±0.09	12.46±0.11	***
<b>ML</b>	10.91±0.13	10.51±0.16	ns
<b>EL</b>	12.67±0.16	12.44±0.20	ns
<b>NL</b>	20.73±0.22	19.94±0.27	*
<b>BL</b>	68.63±0.51	66.50±0.64	*
<b>TL</b>	41.81±0.40	40.85±0.49	ns
<b>MC</b>	21.97±0.18	20.71±0.23	***
<b>HC</b>	33.65±0.27	31.47±0.34	***
<b>CC</b>	71.31±0.54	69.79±0.68	ns
<b>WC</b>	46.90±0.63	43.97±0.78	**
<b>TC</b>	34.98±0.33	33.09±0.41	**
<b>FC</b>	15.11±0.12	13.99±0.14	***
<b>WrC</b>	10.80±0.13	10.46±0.16	ns
<b>LW</b>	23.28±0.27	20.53±0.33	***

**HW**: hauteur au garrot, **HR**: hauteur de la croupe, **HL**: longueur de la tête, **HdW**: largeur de la tête, **ML**: longueur du museau, **EL**: longueur des oreilles, **NL**: longueur de la nuque, **BL**: longueur du corps, **TL**: longueur de la queue, **MC**: circonférence du museau, **HC**: circonférence de la tête, **CC**: circonférence thoracique, **WC**: circonférence abdominale, **TC**: circonférence de la cuisse, **FC**: circonférence de l'avant-bras, **WrC**: circonférence du poignet, **LW**: poids vif, **N**: nombre de chiens, **ns** : non significatif ( $p>0.05$ ), **\***: différence significative ( $p<0.05$ ), **\*\*** : différence hautement significative ( $p<0.01$ ), **\*\*\***: différence très hautement significative ( $p<0.001$ ).

D'après le tableau 3, il existe différents degrés de signification qui montrent la différence entre les mâles et les femelles, cette différence était très hautement significative ( $p<0.001$ ) pour les paramètres hauteur au garrot (HW), hauteur de la croupe (HR), longueur de la tête (HL), largeur de la tête (HeW), circonférence du museau (MC), circonférence de la tête (HC), circonférence de l'avant-bras (FC) et le poids vif (LW). Pour les paramètres circonférence abdominale (WC) et circonférence de la cuisse (TC), la différence était hautement significative ( $p<0.01$ ). La différence était significative ( $p<0.05$ ) pour les paramètres longueur de la nuque (NL) et longueur du corps (BL). Toute ces différences étaient en faveur des mâles, ces derniers étaient plus grands et présentant des traits plus développés que ceux des femelles et étaient aussi plus lourds. Par contre il n'y avait aucune différence significative ( $p>0.05$ ) entre les mâles et les

femelles pour les paramètres longueur du museau (ML), longueur des oreilles (EL), longueur de la queue (TL), circonférence thoracique (CC) et circonférence du poignet (WrC).

D'après nos résultats, nous pouvons confirmer que le dimorphisme sexuel est présent chez la race Sloughi étudiée comme dans la grande majorité des races de chien car ce phénomène est très commun, de nombreuses études confirment ce phénomène, ainsi que de nombreux standards publiés par les organisations canines internationales telles que la FCI et l'AKC. Par exemple chez le braque italien, d'après une étude menée par Cecchi et al (2015), les mâles avaient des traits plus développés que ceux des femelles, les mêmes résultats ont été rapportés par Oğrak et al (2014) chez la race Tarsus Catalburun turque, chez le Tazi Turc aussi le résultat était le même d'après les études de Urosevic et al (2020a) et celle de Yilmaz et Ertuğrul (2011). Chez le chien de berger turc (*Akbash*), les femelles étaient moins grandes que les mâles (Urosevic *et al.*, 2020b). Thuller et al (2015) ont montré que chez le labrador les mâles avaient aussi uniquement deux traits plus développés que ceux des femelles. Nous pouvons aussi citer les standards du lévrier espagnol (Galgo), celui du lévrier anglais (Greyhound) et celui du lévrier irlandais qui montrent que les mâles sont généralement plus développés que les femelles sur le plan morphologique. Cette différence pourrait être due à cause des effets de la testostérone et de ses métabolites lors de la phase de croissance des chiens comme c'est le cas chez de nombreux animaux de la ferme (ovins, caprins et porcins) (Joe Ford et Klindt, 1989).

### 2.1.2. Indices corporels

Le tableau 4 montre les résultats de comparaison entre les sexes pour les dix indices corporels étudiés.

**Tableau 4 :** Effet du sexe des chiens sur les indices corporels

Indices corporels	Sexe		P-value
	Males N=62	Femelles N=43	
<b>IM</b>	99.32±0.66	102.35±0.80	**
<b>FI</b>	95.53±0.60	97.60±0.72	*
<b>CI</b>	52.18±0.25	52.14±0.30	ns
<b>BTI</b>	61.26±0.55	61.09±0.66	ns
<b>BI</b>	15.07±0.16	15.27±0.19	ns
<b>MHI</b>	43.25±0.47	43.75±0.56	ns
<b>WRI</b>	101.85±0.31	101.56±0.38	ns
<b>HNI</b>	122.21±1.36	121.82±1.64	ns
<b>EHLI</b>	50.51±0.63	51.38±0.76	ns
<b>EHWI</b>	96.97±1.31	98.71±1.57	ns

**IM:** Indice de masse, **FI:** indice de format, **CI:** indice céphalique, **BTI:** indice corps-queue, **BI:** indice osseux, **MHI:** indice tête-museau, **WRI:** indice de profil, **HNI:** indice tête-nuque, **EHLI:** indice oreilles-longueur de la tête, **EHWI:** indice oreilles-

largeur de la tête, N: nombre de chiens, ns : non significatif ( $p>0.05$ ), \*: différence significative ( $p<0.05$ ), \*\*: différence hautement significative ( $p<0.01$ ).

Les résultats du test de Student pour échantillons indépendants du tableau 4 nous mènent à déduire qu'il n'y avait aucune différence significative entre les mâles et les femelles Sloughi pour les huit indice (CI: indice céphalique, BTI: indice corps-queue, BI: indice osseux, MHI: indice tête-museau, WRI: indice de profil, HNI: indice tête-nuque, EHLI: indice oreilles-longueur de la tête, EHWI: indice oreilles-largeur de la tête) avec  $p>0.05$ .

Il y avait une différence hautement significative entre les deux sexes pour l'indice de masse en faveur des femelles ( $p<0.01$ ), cette différence est certainement dû à la hauteur au garrot dont la différence était très hautement significative entre les deux sexes et non pas à la circonférence thoracique. La différence était par contre significative pour l'indice de profil en faveur des femelles aussi, en d'autres termes, vu de profil, la forme carrée était plus remarquable chez les femelles.

## 2.2. Effet de la région géographique sur les mensurations corporelles et les indices corporels

### 2.2.1. Mensurations corporelles

Les résultats de l'ANOVA à un facteur (Région) suivie d'un test post-hoc (test de comparaison multiple de Tukey-HSD) sont présentés dans le tableau 5.

**Tableau 5** : Effet de la région sur les mensurations corporelles

Variables	Région			P-value
	Est N=30	Ouest N=40	Centre N=35	
<b>HW</b>	68.34±0.50 <sup>a</sup>	71.09±0.43 <sup>b</sup>	70.97±0.45 <sup>ab</sup>	***
<b>HR</b>	66.74±0.52 <sup>a</sup>	69.84±0.45 <sup>b</sup>	70.35±0.47 <sup>b</sup>	***
<b>HL</b>	24.33±0.26	24.60±0.22	24.98±0.23	ns
<b>HdW</b>	12.97±0.12	12.73±0.10	12.80±0.11	ns
<b>ML</b>	10.33±0.17 <sup>a</sup>	10.92±0.15 <sup>b</sup>	10.88±0.15 <sup>ab</sup>	*
<b>EL</b>	12.37±0.22	12.72±0.19	12.57±0.20	ns
<b>NL</b>	19.62±0.30 <sup>a</sup>	20.88±0.26 <sup>b</sup>	20.50±0.27 <sup>ab</sup>	**
<b>BL</b>	66.53±0.69	67.84±0.59	68.32±0.62	ns
<b>TL</b>	40.05±0.54 <sup>a</sup>	42.60±0.46 <sup>b</sup>	41.33±0.49 <sup>a</sup>	**
<b>MC</b>	21.37±0.25	21.31±0.21	21.35±0.22	ns
<b>HC</b>	32.66±0.37	32.84±0.32	32.18±0.33	ns
<b>CC</b>	70.82±0.74	72.23±0.63	68.59±0.67	ns
<b>WC</b>	47.19±0.85 <sup>a</sup>	46.14±0.73 <sup>a</sup>	42.97±0.77 <sup>b</sup>	**
<b>TC</b>	33.37±0.45 <sup>a</sup>	33.67±0.39 <sup>a</sup>	35.06±0.41 <sup>b</sup>	**

## ***PARTIE EXPERIMENTALE***

<b>FC</b>	14.33±0.16 <sup>a</sup>	14.24±0.13 <sup>a</sup>	15.07±0.14 <sup>b</sup>	***
<b>WrC</b>	10.24±0.17	10.81±0.15	10.83±0.16	ns
<b>LW</b>	21.67±0.40 <sup>a</sup>	22.04±0.34 <sup>b</sup>	22.00±0.36 <sup>b</sup>	***

**HW**: hauteur au garrot, **HR**: hauteur de la croupe, **HL**: longueur de la tête, **HdW**: largeur de la tête, **ML**: longueur du museau, **EL**: longueur des oreilles, **NL**: longueur de la nuque, **BL**: longueur du corps, **TL**: longueur de la queue, **MC**: circonférence du museau, **HC**: circonférence de la tête, **CC**: circonférence thoracique, **WC**: circonférence abdominale, **TC**: circonférence de la cuisse, **FC**: circonférence de l'avant-bras, **WrC**: circonférence du poignet, **LW**: poids vif, **N**: nombre de chiens, **ns**: non significatif ( $p>0.05$ ), \*: différence significative ( $p<0.05$ ), \*\*: différence hautement significative ( $p<0.01$ ), \*\*\*: différence très hautement significative ( $p<0.001$ ), **les mêmes lettres**: aucune différence significative, **lettres différentes**: une différence significative.

Nous remarquons d'après le tableau 5 qu'il y a une différence très hautement significative entre les trois régions étudiées pour les paramètres (hauteur au garrot (HW), hauteur de la croupe (HR), circonférence de l'avant-bras (FC) et le poids vif (LW)) avec une p-value  $< 0.001$ . Pour la hauteur au garrot (HW), les deux groupes qui différaient le plus étaient l'Ouest et l'Est car les individus de la région Est étaient moins grands. Pour la hauteur de la croupe (HR), les individus de l'Est étaient moins grands que ceux de l'Ouest et du Centre. Les individus de l'est avaient une circonférence de l'avant-bras plus développée que celle des individus du Centre et de l'Ouest. Pour le poids vif, les chiens de l'Est étaient moins lourds que ceux des deux autres régions.

La différence entre les trois régions était hautement significative pour les paramètres (longueur de la nuque (NL), longueur de la queue (TL), circonférence abdominale (WC) et la circonférence de la cuisse (TC)) avec une p-value  $< 0.01$ . Pour la longueur de la nuque (NL), la différence était entre les individus de l'Est et ceux de l'Ouest seulement où les chiens de l'Est avait une longueur moins importante que ceux de l'Ouest. Les chiens de l'ouest présentaient une queue plus longue que celle des chiens de l'Est et du Centre. La circonférence abdominale (WC) était moins importante chez les chiens du Centre par rapport à celle des chiens de l'Est et de l'Ouest, par contre, leur circonférence de la cuisse (TC) était plus développée que celle des chiens des deux autres régions. Il y avait une différence significative entre les trois régions uniquement pour le paramètre longueur du museau (ML) avec une p-value  $< 0.05$ , cette différence était surtout entre les individus de l'Ouest et celle de l'Est en faveur de la sous-population de l'Ouest. Finalement, il n'y avait aucune différence significative entre les individus des trois régions pour les paramètres (longueur de la tête (HL), largeur de la tête (HdW), longueur des oreilles (EL), longueur du corps (BL), circonférence du museau (MC), Circonférence de la tête (HC), circonférence thoracique (CC) et circonférence du poignet (WrC) avec un p-value  $> 0.05$ . Les différences citées pourraient être dues à différents facteurs

environnementaux, tels que le climat, la texture du sol et la forme du terrain, nous pouvons donc confirmer les déclarations des éleveurs qui disent qu'il y a toujours une différence entre les sous-populations de Sloughi et ceci, est certainement lié à l'environnement dans lequel ils ont évolué notamment à la manière d'utiliser le Sloughi pour la chasse, les plus hauts sont généralement utilisés contre le gros gibier comme le sanglier, le loup doré africain ou le chacal, et les plus petits sont utilisés pour chasser le petit gibier comme le lièvre. Autrement dit, les Sloughis sont sélectionnés selon des critères répondant aux besoins des éleveurs et des utilisateurs de cette race. Chez le Tazi turc, lorsque l'étude a été menée sur trois sous-populations de chiens appartenant à trois régions différentes de la Turquie, le sud-est, le centre et l'est, la sous-population du sud-est avait une longueur de corps plus développée que les deux autres sous-populations du centre et de l'est respectivement (Yilmaz et Ertuğrul, 2011), ce phénomène est donc probablement évident chez d'autres races de chiens.

### 2.2.2. Indices corporels

Une autre ANOVA à un facteur, suivie d'un test de comparaisons multiples ont été appliqués sur les indices corporels des chiens des trois régions étudiées. Les résultats sont présentés dans le tableau 6.

**Tableau 6** : Effet de la région sur les indices corporels

Indices corporels	Région			P-value
	Est N=30	Ouest N=40	Centre N=35	
<b>IM</b>	103.87±0.96 <sup>a</sup>	101.78±0.83 <sup>a</sup>	96.86±0.87 <sup>b</sup>	***
<b>FI</b>	97.62±0.87	95.54±0.75	96.54±0.79	ns
<b>CI</b>	53.32±0.36 <sup>a</sup>	51.86±0.31 <sup>b</sup>	51.31±0.33 <sup>b</sup>	***
<b>BTI</b>	60.15±0.80 <sup>a</sup>	62.75±0.69 <sup>b</sup>	60.62±0.73 <sup>a</sup>	*
<b>BI</b>	15.00±0.23	15.21±0.20	15.29±0.21	ns
<b>MHI</b>	42.47±0.67	44.43±0.58	43.59±0.61	ns
<b>WRI</b>	102.43±0.46 <sup>a</sup>	101.81±0.39 <sup>ab</sup>	100.88±0.42 <sup>b</sup>	*
<b>HNI</b>	125.14±1.97 <sup>a</sup>	118.38±1.71 <sup>b</sup>	122.54±1.80 <sup>ab</sup>	*
<b>EHLI</b>	50.74±0.91	51.70±0.79	50.41±0.83	ns
<b>EHWI</b>	95.29±1.89	99.88±1.64	98.35±1.72	ns

**IM**: Indice de masse, **FI**: indice de format, **CI**: indice céphalique, **BTI**: indice corps-queue, **BI**: indice osseux, **MHI**: indice tête-museau, **WRI**: indice de profil, **HNI**: indice tête-nuque, **EHLI**: indice oreilles-longueur de la tête, **EHWI**: indice oreilles-largeur de la tête, N: nombre de chiens, ns : non significatif (p>0.05), \*: différence significative (p<0.05), \*\*: différence hautement significative (p<0.01), \*\*\*: différence très hautement significative (p<0.001), **les mêmes lettres** : aucune différence significative, **lettres différentes** : une différence significative.

Nous remarquons d'après les résultats du tableau 6 qu'il y avait une différence très hautement significative (p<0.001) entre les chiens des trois régions pour le paramètre indice de masse (IM)

et l'indice céphalique (IC) où les individus du centre avaient un indice de masse moins important que celui des individus des deux autres régions, cela pourrait expliquer leur agilité et leur corps fin et athlétique apte à la chasse au lièvre dans le désert. Pour l'indice céphalique, les individus du centre et de l'ouest avaient une tête bien proportionnée par rapport aux individus de l'Est.

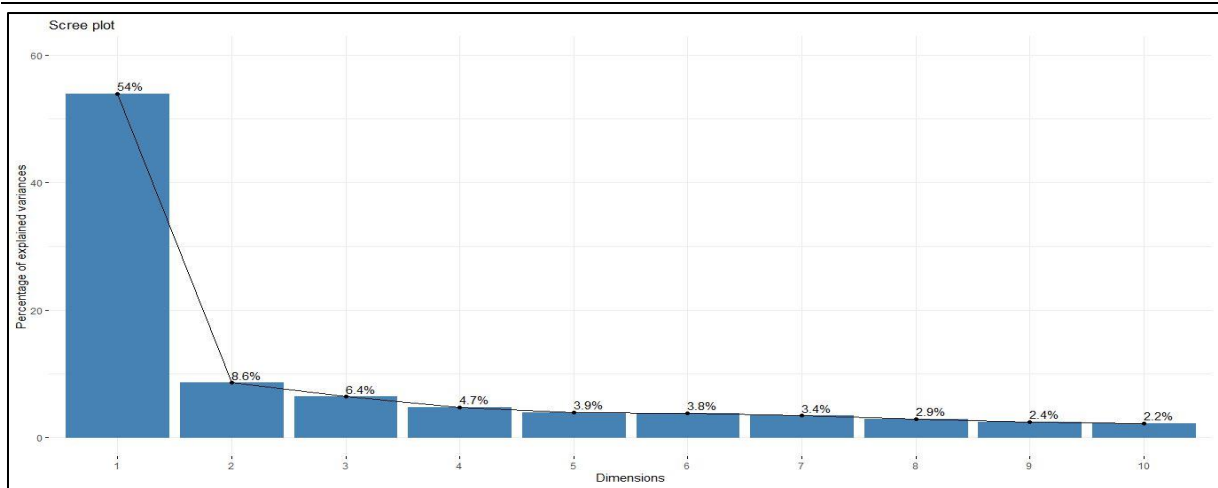
Pour les indices (corps-queue (BTI), de profil (WRI), et tête-nuque (HNI)), la différence était significative ( $p < 0.05$ ) entre les individus des trois régions étudiées. L'indice corps-queue (BTI) était plus grand chez les individus de l'Ouest par rapport à celui des individus de l'Est et du Centre, ce qui nous laisse dire que les chiens de l'Ouest ont une queue significativement plus petite que la longueur du corps comparée à celle des individus des deux autres régions. Concernant l'indice de profil (WRI), nous remarquons une différence seulement entre les individus de l'Est et ceux du Centre avec un pourcentage élevé en faveur des chiens de l'Est, leur garrot est plus haut que leur croupe. Finalement, pour l'indice tête-nuque (HNI), c'est toujours les individus de la région Est qui avaient un pourcentage plus important et significativement différent avec les individus de l'Ouest seulement, ces derniers avaient une tête nettement plus longue que leur nuque. Ce genre de travaux et d'études peuvent mieux nous orienter pour mieux comprendre la structure des différentes populations de Sloughi sur le sol Algérien, ce qui facilitera l'établissement d'un Standard national de cette race.

### **3. Analyses multivariées**

Dans le but de séparer l'ensemble des chiens étudiés en fonction de leurs mensurations corporelles, et essayer de confirmer l'existence de plusieurs variétés de Sloughi en Algérie, une analyse en composantes principales suivie d'une classification hiérarchique sur composantes principales ont été appliquées

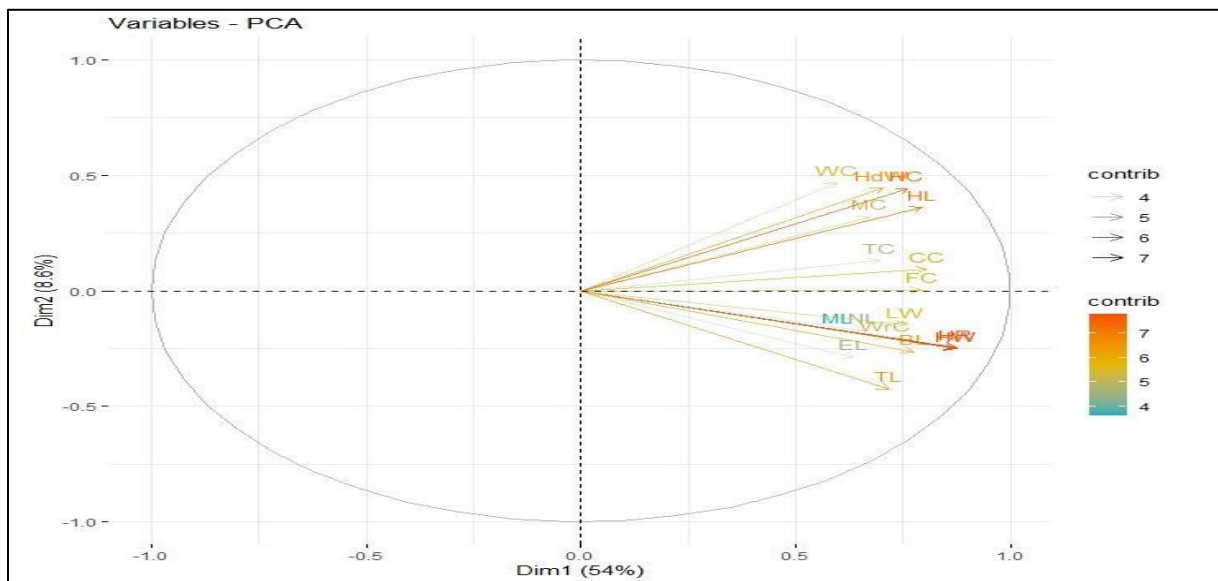
#### **3.1. Analyse en composantes principales**

Généralement, nous avons tendance à examiner les premières composantes principales afin de trouver des tendances intéressantes dans les données. Les résultats de la variance totale expliquée sont présentés dans la figure ci-dessous.



**Figure 19 :** Pourcentage de la variance expliquée par ACP

D'après la figure 19, les deux premières dimensions de l'ACP expriment 62.2% de l'inertie totale avec 54% pour la dimension 1 et 8.6% pour la dimension 2. La contribution des variables et la composition des groupes sont présentées dans la figure 20.



**Figure 20 :** Cercle des corrélations des variables par ACP

Les résultats de la figure 20, appelés aussi le cercle des corrélations montrent que les vecteurs qui sont les mieux représentés sont HW et HR vu qu'ils sont les plus proches du périmètre du cercle, et ce, en s'appuyant sur leur couleur (Orange foncée). Le vecteur le mal représenté était ML en couleur bleue. Nous pouvons distinguer la formation de trois groupes de caractères dont le premier groupe est composé de cinq caractères qui sont WC, HdW, HC, MC et HL. Quatre de ces caractères (HdW, HC, MC et HL) concernent la région de la tête ce qui pourrait nous mener à dire que ces paramètres pourraient être contrôlés par le ou les mêmes groupes de gènes. Le deuxième groupe est composé de trois caractères représentant tous des circonférences qui

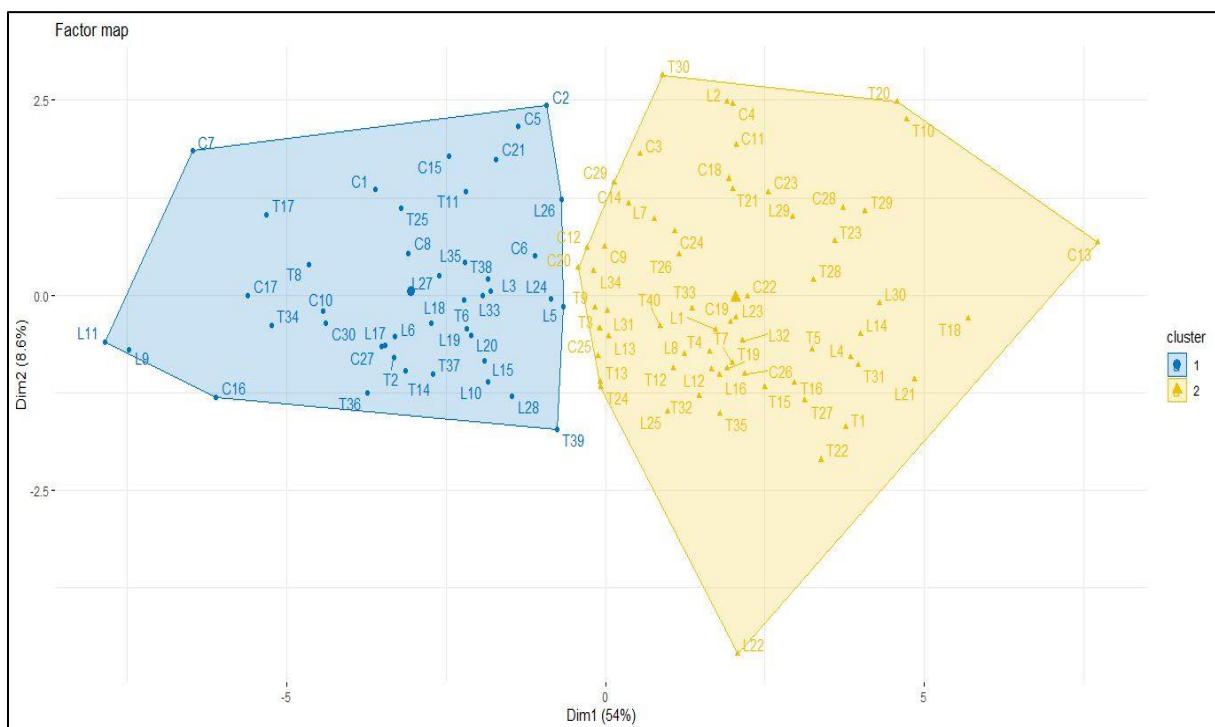


sont TC, CC et FC. Finalement, le troisième groupe est composé de neuf caractères qui sont LW, ML, NL, WrC, HR, HW, BL, EL et TL. Ce groupe contient le poids vif, une circonférence, deux hauteurs et cinq longueurs. Les trois groupes étaient corrélés positivement entre eux et il n'y avait aucune corrélation négative ni nulle car tous les angles formés entre deux vecteurs n'atteignent pas 90° et ne les dépassent pas, donc le cosinus est toujours positif et supérieur à 0.

Dans le premier groupe, les vecteurs qui étaient le plus corrélés étaient HdW avec HC et MC avec HL, dans le deuxième groupe, les corrélations étaient fortes entre les trois vecteurs, dans le troisième groupe, nous remarquons une très forte corrélation entre HR et HW, les deux vecteurs sont pratiquement superposés, le coefficient de corrélation serait très proche de 1. Les autres vecteurs sont aussi corrélés positivement avec une corrélation plus faible entre LW et TL vu l'angle important formé entre ces deux derniers. Nous ne pouvons pas confirmer que toutes ses corrélations sont significatives sur le plan statistique en nous appuyant uniquement sur le cercle des corrélations, une étude des corrélations sera faite après la classification.

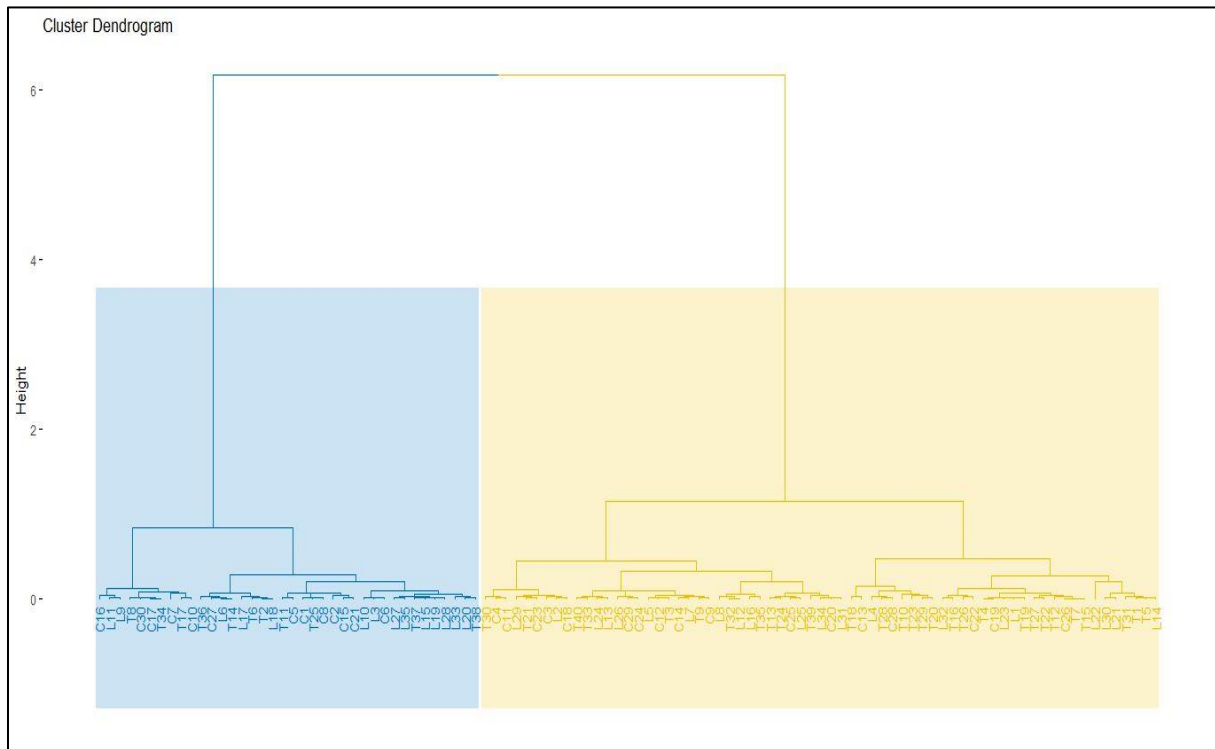
### 3.2. Classification hiérarchique sur composantes principales

Une classification hiérarchique sur composantes principale a été exécutée et les résultats de cette analyse sont représentés par la figure 21 (graphe de la distribution individus) et la figure 22 (dendrogramme de la classification hiérarchique ascendante sur composantes principales (HCPC))



**Figure 21** : Carte représentant la distribution des chiens après l'ACP

D'après la carte ci-dessus, nous remarquons la formation de deux classes distinctes (Clusters) de chiens. Cette séparation en deux classes est détaillée dans la figure 22 et le tableau 7.



**Figure 22 :** Dendrogramme d'une classification hiérarchique ascendante sur composantes principales (HCPC)

D'après la figure 22, la classe 1 (en bleu) est constituée d'un total de **42** chiens dont **10** mâles et **32** femelles. Pour les mâles, **5** sont de la région Est et précisément **4** de la wilaya de M'sila et **1** de la wilaya de Sétif, **2** sont de la région Ouest et précisément de la Wilaya de Tlemcen et finalement, **3** sont de la région du centre représentée par la wilaya de Laghouat. Pour les femelles, **8** sont de la région Est et précisément **6** de la wilaya de M'sila et **2** de la Wilaya de Sétif. **10** femelles sont originaires de la région Ouest avec **7** de Tlemcen et **3** de Sidi Bel Abbès. Les **14** femelles restantes sont toutes originaires de la wilaya de Laghouat qui représente la région du centre.

Pour la classe 2, elle est représentée par un total de **63** chiens dont **52** mâles et **11** femelles. **15** des mâles sont de la région Est avec **6** de la wilaya de M'sila, **4** de la wilaya de Batna et **5** de la wilaya de Sétif, **24** sont de la région Ouest avec **15** de la wilaya de Tlemcen, **5** de la wilaya de Sidi Bel Abbès et **4** de la wilaya de Ain-Témouchent, les **13** mâles restants sont de la région du centre représentée par la wilaya de Laghouat. Les **2** femelles qui représentent la région Est sont originaires de M'sila et Batna, dans la région ouest, nous avons **4** femelles, **3** de Tlemcen et **1**

de Sidi Bel Abbès, finalement, les 5 femelles restantes sont toutes originaires de la wilaya de Laghouat représentant la région du centre.

Nous pouvons déduire que la classe 1 est composée essentiellement de femelles avec un pourcentage de 76.20% à peu près et de 23.80% de males. Quant à la classe 2, elle est composée de 83% de males et de 17% de femelles.

Les moyennes et les écarts-types de chaque mensuration corporelle dans chaque classe obtenue sont présentés dans le tableau 7.

L'ordre des mensurations corporelles de haut en bas est décroissant par rapport à celles qui représentent mieux la classe, dans notre cas, toutes les variables sont très hautement significatives par rapport à la moyenne générale de tous les chiens étudiés. En d'autres termes, la variable hauteur au garrot (HW) est la meilleure variable représentative de chaque classe avec la valeur la plus petite de la p-value, la variable longueur du museau est en dernière position car sa p-value est la plus grande, mais toujours très hautement significative.

**Tableau 7** : Détails des caractéristiques de chaque classe

Variables	Classe 1 N = 42 NM=10 NF=32		Classe 2 N = 63 NM=52 NF=11	
	Moyenne ± ET	p-value	Moyenne ± ET	p-value
<b>HW</b>	66,20 ± 3,56	***	73,41 ± 3,09	***
<b>HR</b>	65,22 ± 3,61	***	72,14 ± 3,28	***
<b>CC</b>	66,37 ± 4,05	***	73,67 ± 3,37	***
<b>BL</b>	63,95 ± 3,74	***	70,40 ± 3,07	***
<b>FC</b>	13,68 ± 0,92	***	15,29 ± 0,89	***
<b>TL</b>	38,60 ± 2,11	***	43,49 ± 3,11	***
<b>HL</b>	23,45 ± 1,26	***	25,65 ± 1,39	***
<b>HC</b>	30,96 ± 2,00	***	33,97 ± 1,95	***
<b>HdW</b>	12,27 ± 0,72	***	13,31 ± 0,66	***
<b>LW</b>	20,36 ± 1,54	***	23,38 ± 2,30	***
<b>WrC</b>	9,92 ± 0,98	***	11,20 ± 0,83	***
<b>EL</b>	11,68 ± 0,98	***	13,20 ± 1,12	***
<b>MC</b>	20,42 ± 1,49	***	22,14 ± 1,34	***
<b>NL</b>	19,27 ± 1,73	***	21,27 ± 1,55	***
<b>WC</b>	42,25 ± 3,87	***	47,92 ± 5,12	***
<b>TC</b>	32,36 ± 2,67	***	35,46 ± 2,47	***
<b>ML</b>	10,17 ± 0,95	***	11,17 ± 0,90	***

**HW**: hauteur au garrot, **HR**: hauteur de la croupe, **HL**: longueur de la tête, **HdW**: largeur de la tête, **ML**: longueur du museau, **EL**: longueur des oreilles, **NL**: longueur de la nuque, **BL**: longueur du corps, **TL**: longueur de la queue, **MC**: circonférence du museau, **HC**: circonférence de la tête, **CC**: circonférence thoracique, **WC**: circonférence abdominale, **TC**: circonférence de la cuisse, **FC**: circonférence de l'avant-bras, **WrC**: circonférence du poignet, **LW**: poids vif, **N**: nombre de chiens, **M**: Males, **F**: Femelles, \*\*\*: différence très hautement significative (p<0.001).

D'après les résultats du tableau 7, nous remarquons que les chiens de la classe 1 ont des traits beaucoup moins développés que ceux de la classe 2 et que ceux de la moyenne globale de toute la population d'où la valeur de probabilité ( $p < 0.001$ ) pour tous les paramètres, donc cette classification est très significative. Ce genre de classification pourrait être très utile dans un programme de sélection et d'amélioration de nos ressources animales surtout lorsque nous voulons préserver nos races, le choix des géniteurs va être plus facile, bien sûr avec l'obtention d'autres informations nécessaires concernant les ascendants de chaque géniteur.

Comme chaque classe est représentée par des variables bien précises, elle est aussi représentée par un nombre d'individus typique.

Les chiens qui représentent le mieux chaque classe sont mentionnés dans le tableau 8 par ordre décroissant de haut en bas avec leur identifiant, leur sexe, la distance au centre de la classe, la région et la Wilaya.

**Tableau 8** : Détails des individus représentatifs de chaque classe

Classe	Identifiant	Sexe	DCC	Région	Wilaya
1	C8	F	0.6843500	Est	M'sila
	L35	F	1.0151250	Centre	Laghouat
	L27	M	1.0975420	Centre	Laghouat
	T25	F	1.3196790	Ouest	Tlemcen
	T37	F	1.3758620	Ouest	Tlemcen
2	C19	M	0.7956283	Est	Sétif
	T4	M	1.0348893	Ouest	Tlemcen
	T7	M	1.2892101	Ouest	Tlemcen
	T19	M	1.4659590	Ouest	Tlemcen
	L1	M	1.5041270	Centre	Laghouat

DCC : Distance au centre de la classe, M: Males, F: Femelle.

Nous pouvons déduire du tableau 8 que les individus qui représentent le mieux la classe 1 sont au nombre de 5 chiens avec 4 femelles et 1 male. La femelle C8 de la Wilaya de M'sila est l'individu qui représente le mieux cette classe avec une distance de 0.6843500 du centre de la classe.

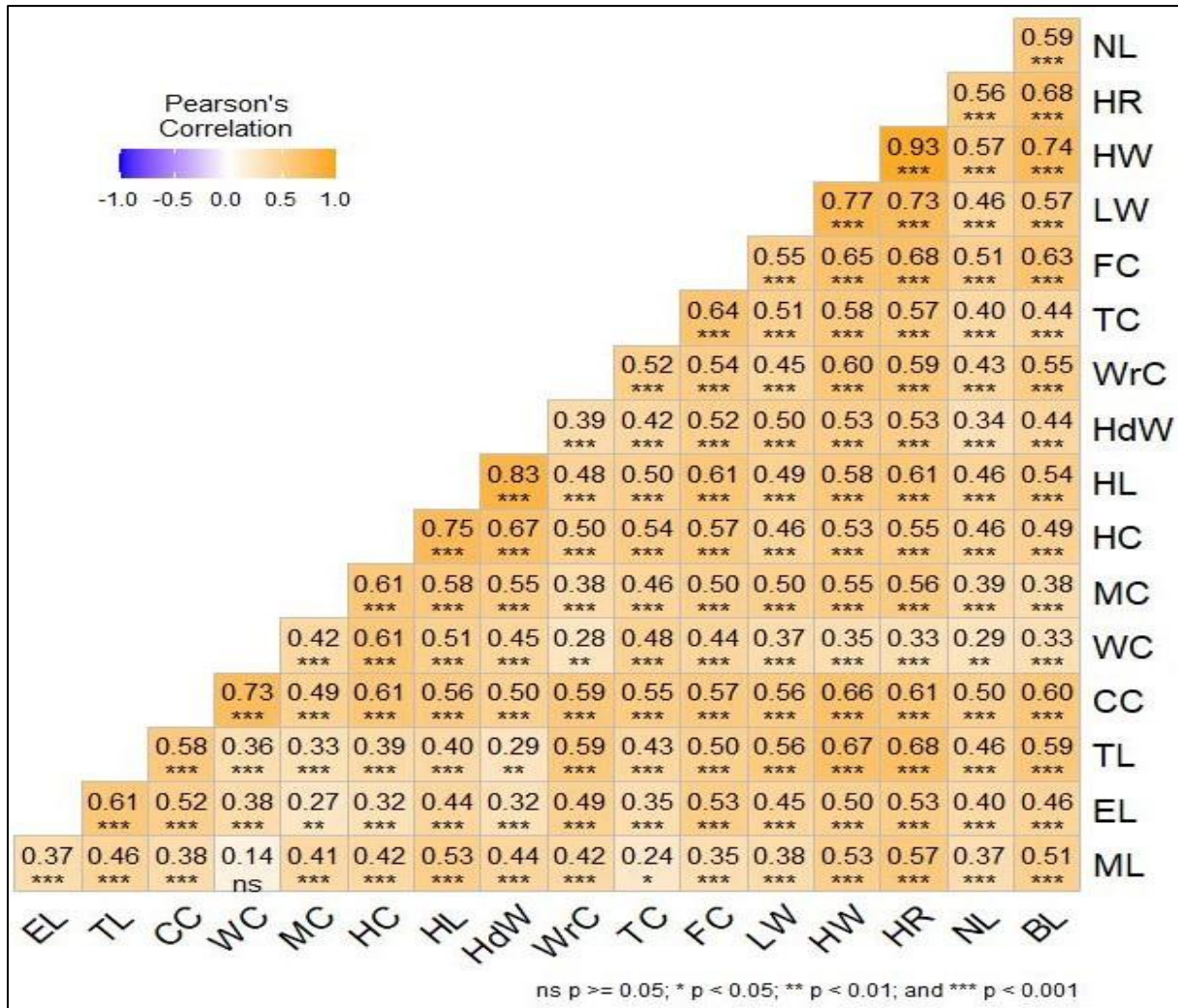
La classe 2 est représenté par 5 chiens dont tous des males. Le meilleur individu qui représente cette classe est le C19 de la Wilaya de Sétif avec une distance de 0.7956283 du centre de la classe.

#### **4. Etude des corrélations et analyse de régression linéaire multiple**

**4.1. Etude des corrélations entre les différentes mensurations corporelles et le poids vif des chiens**

**4.1.1. Chez l'ensemble des chiens étudiés**

Afin d'étudier les relations entre le poids vif des chiens et leurs mensurations corporelles, un test de corrélation de Pearson a été appliqué et le résultat est présenté dans la figure 23.



**Figure 23 :** Matrice des corrélations de Pearson entre le poids vif et les mensurations corporelles chez l'ensemble des populations de Sloughis étudiées

Les résultats de la figure 23 montrent que toutes les mensurations corporelles sont corrélées positivement entre elle avec des degrés de signification variant de significative ( $p < 0.05$ ) à très hautement significative ( $p < 0.001$ ) à l'exception de la corrélation entre ML et WC qui était non significative. Le poids vif (LW) est corrélé positivement avec toutes les mensurations corporelles avec un degré très hautement significatif ( $p < 0.001$ ).

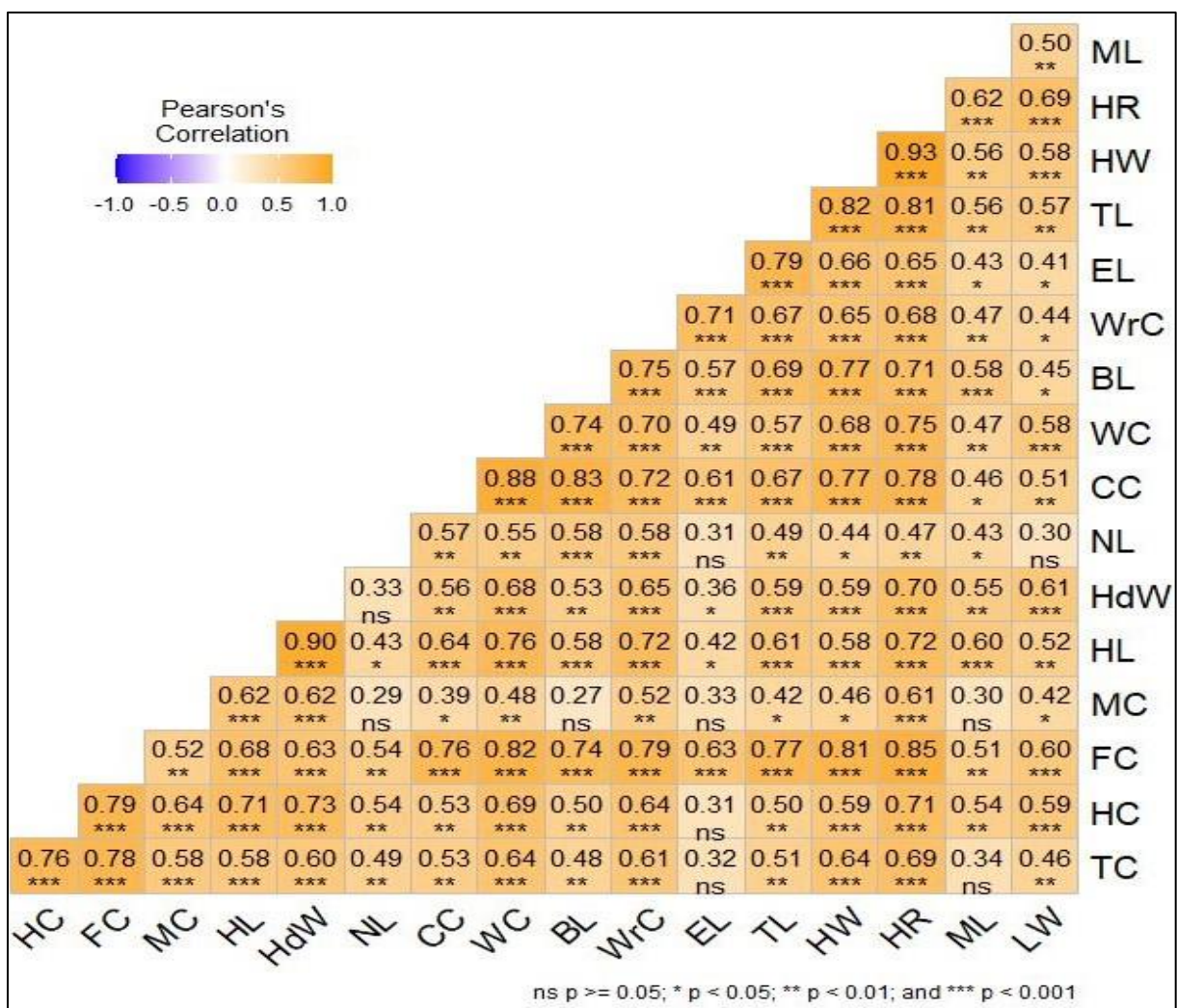


Cette figure nous montre aussi qu'il n'y avait aucune corrélation négative entre l'ensemble des variables, ce qui confirme les résultats de l'analyse en composantes principales cités auparavant.

Ces résultats vont nous aider à repérer les variables qui nous permettent de construire des modèles mathématiques pour estimer le poids vif des chiens en fonction des traits morphométriques.

**4.1.2. Chez les chiens de la région Est**

Une étude des corrélations de Pearson a été appliquée sur les chiens de la région Est uniquement et les résultats sont mentionnés dans la figure 24.



**Figure 24 :** Matrice des corrélations de Pearson entre le poids vif et les mensurations corporelles chez la population de Sloughis de la région Est

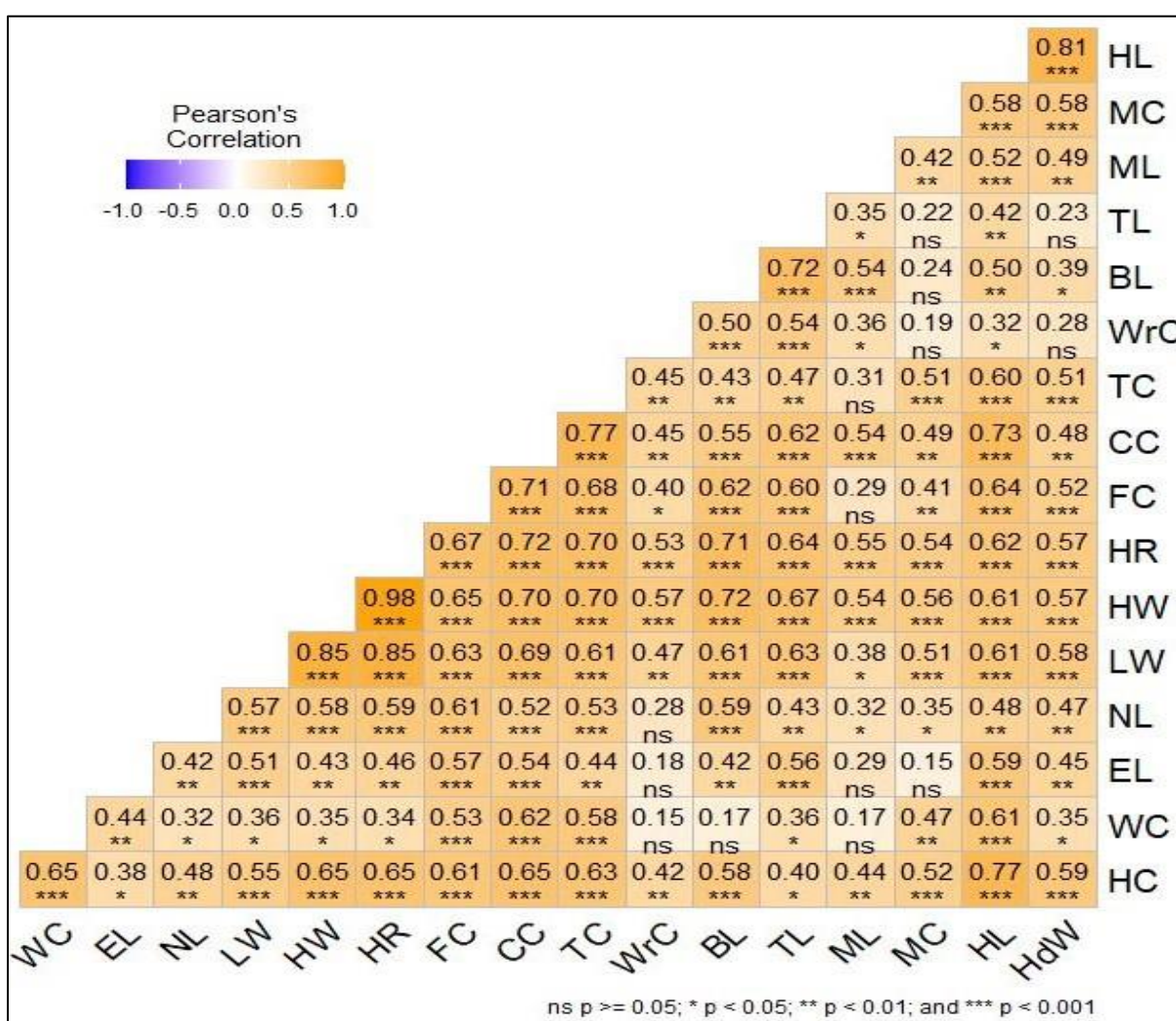
A première vue, nous remarquons une absence totale de corrélations négatives dans la figure 24, la grande majorité des variables sont corrélées positivement entre elles à l'exception de NL

avec LW et EL, de HdW avec NL, de MC avec ML, EL, BL et NL, de HC avec EL, de TC avec ML et EL.

Chez les chiens de la région Est, le poids vif est corrélé positivement et significativement avec l'ensemble des mensurations corporelles à l'exception de NL. Cette corrélation est très hautement significative avec HR, HW, WC, HdW, FC et HC, hautement significative avec ML, TL, CC, HL et TC et significative avec EL, WrC, BL, et MC.

**4.1.3. Chez les chiens de la région Ouest**

La corrélation entre les mensurations corporelles et le poids vif a été étudiée chez les chiens de la région Ouest, les résultats sont présentés par la figure 25.

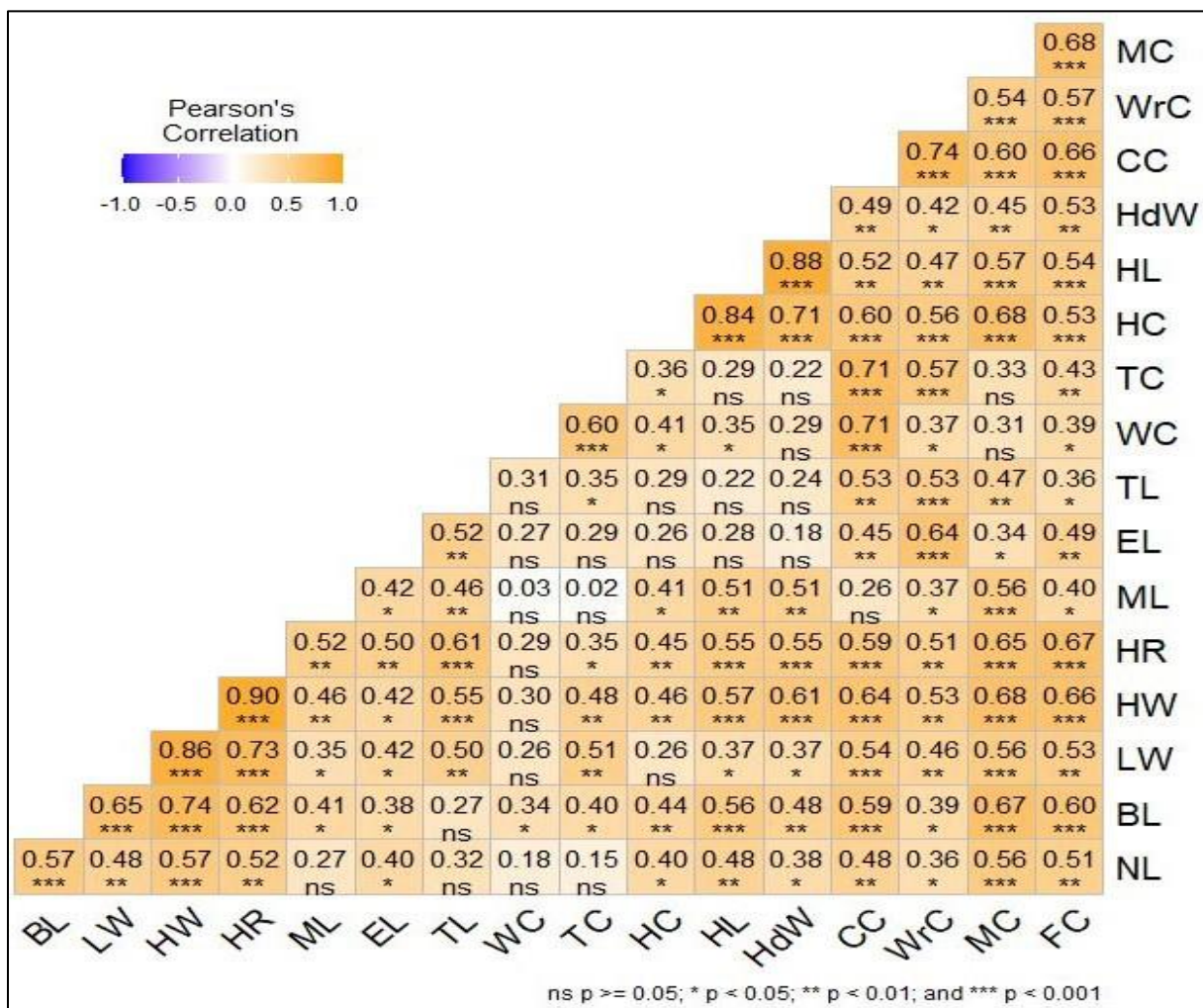


**Figure 25 :** Matrice des corrélations de Pearson entre le poids vif et les mensurations corporelles chez la population de Sloughis de la région Ouest

Nous déduisons de la figure 25 que toutes les corrélations sont positives, partant de non significatives à très hautement significatives. Concernant les variables dont la corrélation était non significative nous retrouvons TL avec HdW et MC, BL avec MC, WrC avec HdW et MC, TC avec ML, FC avec ML, NL avec WrC, EL avec MC, ML et WrC, WC avec ML, BL, et WrC. Nous remarquons aussi que chez les chiens de l'Ouest, le poids vif est corrélé positivement avec toutes les mensurations corporelles, cette corrélation était très hautement significative avec HdW, HL, MC, TL, BL, TC, CC, FC, HR, HW, NL, EL et HC, hautement significative avec WrC et significative avec ML et WC.

**4.1.4. Chez les chiens de la région Centre**

La corrélation entre le poids vif et les mensurations corporelles chez les chiens du Centre a été vérifiée par un test de corrélation de Pearson. Les résultats du test sont présentés par la figure 26 ci-dessous.



**Figure 26 :** Matrice des corrélations de Pearson entre le poids vif et les mensurations corporelles chez la population de Sloughis de la région Centre



Les résultats de la figure 26 nous mènent à déduire que comme chez les chiens des deux autres régions étudiées, toutes les variables sont corrélées positivement entre elles et qu'il y a une absence totale des corrélations négatives. Cette corrélation positive est de significative à très hautement significative. Il n'y avait aucune corrélation significative entre TC, MC, HdW et HL, entre WC, MC et HdW, entre TL, HdW, HL, HC et WC, entre EL, HdW, HL, HC, TC et WC, entre ML, CC, TC et WC, entre HR et WC, entre HW et WC, entre LW, HC et WC, entre BL et TL, entre NL, TC, WC, TL et ML.

Concernant le poids vif (LW), il avait une corrélation très hautement significative avec MC, CC, HR, HW et BL, une corrélation hautement significative avec FC, WrC, TC, TL et NL, une corrélation significative avec HdW, HL, EL et ML.

Ces corrélations étudiées chez l'ensemble des chiens puis en fonction de la région pourraient nous orienter vers les mensurations corporelles qui peuvent nous servir de variables prédictives pour l'estimation du poids vifs des chiens.

**4.2. Etude de régression chez l'ensemble des chiens étudiés en fonction de la région géographique pour l'estimation du poids (Modèle général et modèles séparés du premier degré)**

Les modèles mathématiques basés sur une régression linéaire multiple (étape par étape) obtenus chez les chiens de l'Est, de l'Ouest, du Centre (modèles séparés du premier degré) puis celui de l'ensemble de la population (modèle général) sont présentés dans le tableau 9, nous avons obtenu un modèle dans chaque groupe à l'exception des chiens du centre où le nombre d'équations possible était de 2.

**Tableau 9** : Modèles statistiques séparés du premier degré, obtenus par régression linéaire multiple

Région	Modèles	$\hat{\beta}_i$			$R^2$	P-value
		$\hat{\beta}_0$	$\hat{\beta}_1$	$\hat{\beta}_2$		
<b>Est</b>	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1$	0.740	0.320		0.460	0.000
<b>Ouest</b>	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_2$	-15.400	0.530		0.720	0.000
<b>Centre</b>	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_2$	-9.361	0.440		0.730	0.000
	$\hat{y}_2 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_2 + \hat{\beta}_2 x_3$	-4.280	0.520	-0.800	0.760	0.000
<b>Général</b>	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1$	-6.167	0.400		0.600	0.000

$x_1$ : Hauteur de la croupe (HR),  $x_2$ : Hauteur au garrot (HW),  $x_3$ : Largeur de la tête (HdW),  $\hat{\beta}_0$ =Constante,  $\beta_i$ = coefficient de régression,  $R^2$ =Coefficient de détermination.

D'après les résultats du tableau 9, nous pouvons déduire en premier que l'estimation du poids des chiens étudiés pourrait être faite à partir de la variable prédictive ( $x_1$ ) qui représente la hauteur de la croupe (HR) avec une constante égale à 0.740, un coefficient de régression égale à 0.320, un coefficient de détermination  $R^2$  de 60% et une valeur de probabilité  $p$  de 0.000. La valeur du  $R^2$  nous mène à dire que le poids vif des chiens pourrait être estimé avec une précision moyennement bonne.

Chez les chiens de l'Est, un seul modèle a été obtenu, ce modèle a le paramètre hauteur de la croupe (HR) comme seule et unique variable prédictive du poids vif. La constante de ce modèle avait une valeur de 0.740, le coefficient de régression de la variable ( $x_1$ ) était de 0.320, le coefficient de régression  $R^2$  de 46% et une valeur de probabilité de 0.000. Nous remarquons que la valeur du coefficient de détermination a baissé de 60 à 46 %, donc la précision du modèle a diminué par rapport au modèle générale.

Chez les chiens de l'Ouest, un seul modèle a été obtenu avec la hauteur au garrot (HW) comme seule variable prédictive ( $x_2$ ). Ce modèle avait une constante d'une valeur de -15.400, un coefficient de régression de la variable de 0.530, un coefficient de détermination  $R^2$  de 72% avec une valeur de probabilité de 0.000. La valeur du coefficient de détermination a augmenté par rapport à celle du modèle général (72% vs 60%) et en parallèle la précision du modèle a augmenté aussi.

Chez les chiens du Centre, nous remarquons l'obtention de deux modèles mathématiques. Le premier modèle ( $\hat{Y}_1$ ) est composé d'une seule variable prédictive qui est la hauteur au garrot (HW) avec une constante d'une valeur de -9.361, un coefficient de régression de la variable ( $x_1$ ) de 0.440, un coefficient de détermination  $R^2$  de 73% et une valeur de probabilité de 0.000. Le deuxième modèle ( $\hat{Y}_2$ ) est composé de deux variables prédictives différentes qui sont la hauteur au garrot (HW) et la largeur de la tête (HdW). La valeur de la constante du modèle était de -4.280, la constante de régression de la variable ( $x_2$ ) était de 0.520 et celle de la variable ( $x_3$ ) était de -0.800 avec un coefficient de régression  $R^2$  de 76% et une valeur de probabilité de 0.000.

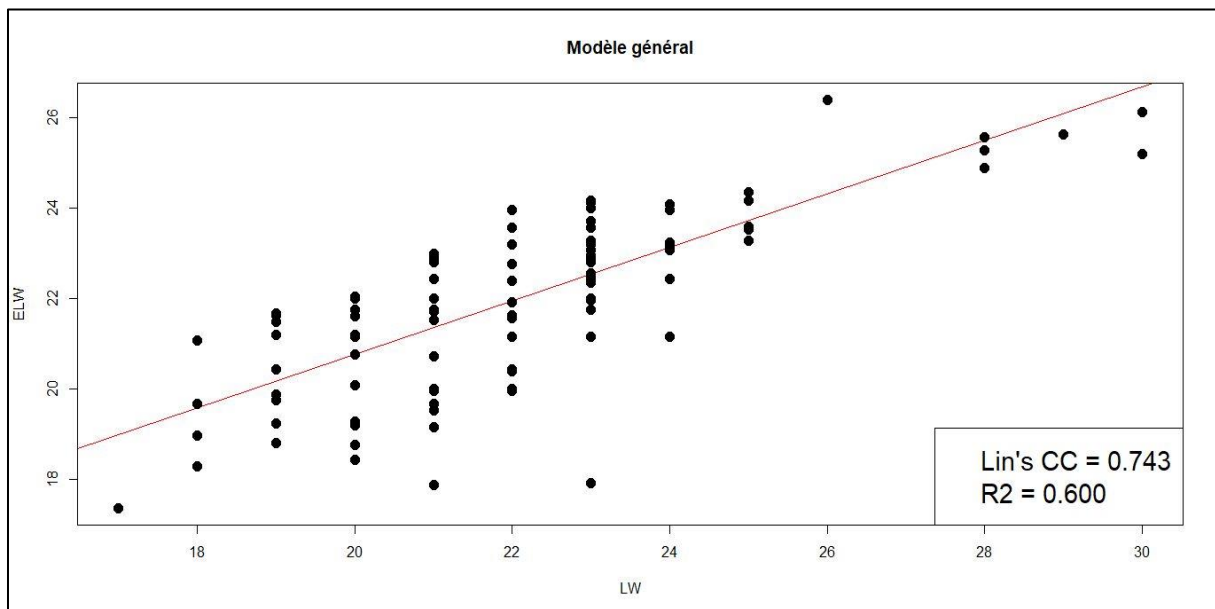
D'après les résultats obtenus des différents modèles, nous pouvons déduire que pour les chiens de l'Est, il est recommandé d'utiliser l'équation du modèle général pour estimer le poids au lieu d'utiliser le modèle obtenu chez les chiens de l'Est uniquement, et ce, à cause de la valeur du  $R^2$  et donc pour avoir une meilleure précision. Quant aux chiens de l'Ouest, il est bien mieux d'utiliser le modèle propre à ces chiens et non pas le modèle général ( $R^2 = 72\%$  vs  $R^2 = 60\%$ ).

Finalement, le modèle adéquat aux chiens du Centre est le deuxième ( $\hat{y}_2$ ) avec deux variables prédictives (HW et HdW) dont le coefficient de détermination est de 76% contrairement au modèle général dont le coefficient de détermination était de 60%.

**4.3. Mesure de la concordance par les Statistiques de Lin (Coefficient de corrélation de concordance) pour le modèle général et les modèles séparés du premier degré.**

Les mesures de concordance entre le poids vif observé et le poids estimé chez l'ensemble des chiens puis en fonction des régions sont présentés par les figures (27, 28, 29 et 30). Dans chaque figure, l'axe des abscisses (x) représente le poids observé ou mesuré (LW) et l'axe des ordonnées (y) représente le poids estimé (ELW). La ligne en rouge représente la courbe de concordance.

**4.3.1. Chez l'ensemble des chiens étudiés (Modèle général)**



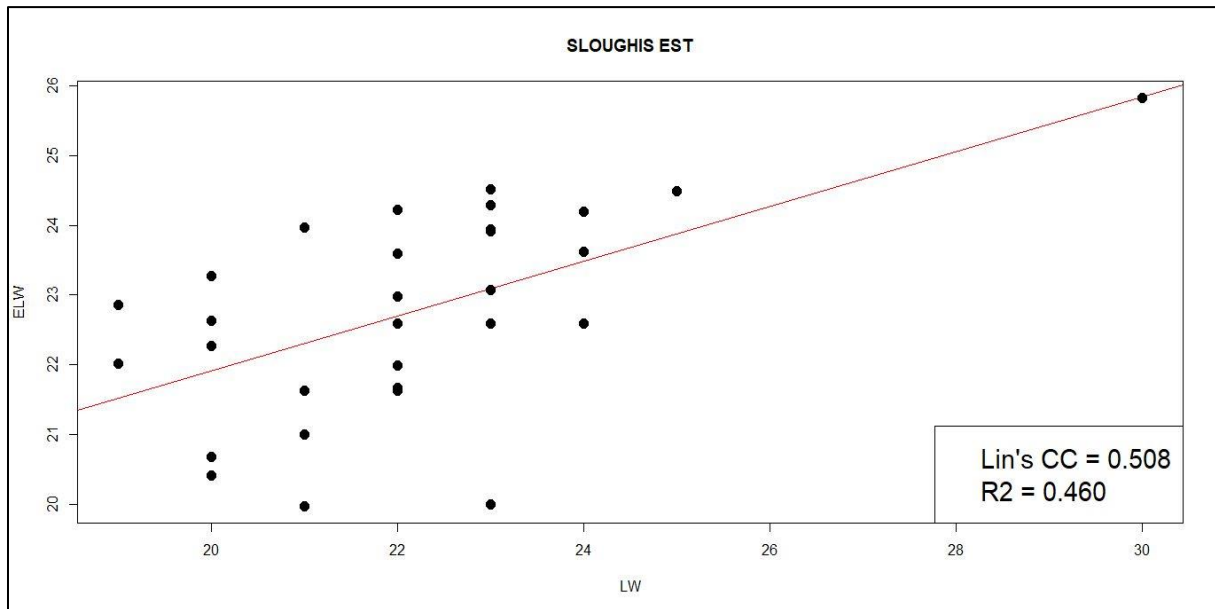
**Figure 27 :** Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez tous les chiens étudiés

D'après la figure 27, nous remarquons une faible concordance entre les valeurs du poids observé des chiens et les valeurs du poids estimé par régression, et ce, d'après la valeur du coefficient de corrélation de concordance (Lin's CC) qui est égale à 0.743. Généralement, il n'existe pas d'accord clair sur la manière d'interpréter les valeurs du CCC, bien qu'une approche consiste à interpréter ce dernier comme pour le coefficient de corrélation de Pearson (les valeurs inférieures à 0.20 sont faibles, tandis que les valeurs supérieures à 0.80 sont excellentes) Altman (1991). McBride (2005) recommande des exigences plus strictes (moins

de 0.90 est faible, entre 0.90 et 0.95 est modérée, entre 0.95 et 0.99 est très bien et supérieure à 0.99 est excellente) comme cité auparavant.

Pour ce cas et d'après McBride (2005), la concordance du modèle obtenu chez l'ensemble des chiens est faible.

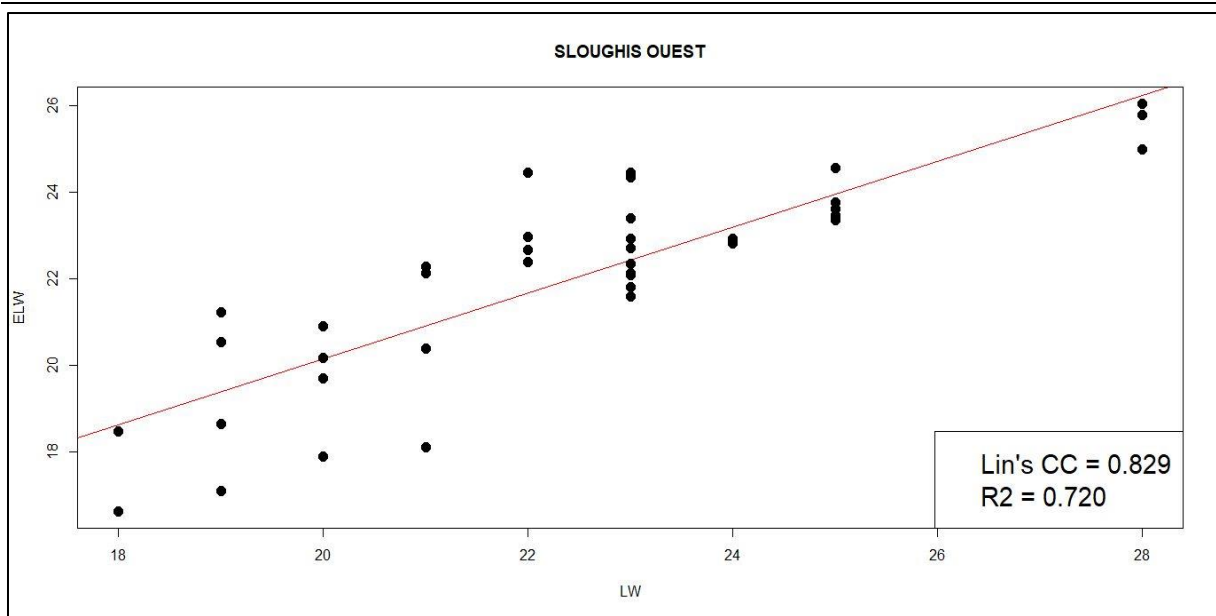
#### **4.3.2. Chez les chiens de l'Est**



**Figure 28 :** Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi de la région Est

Nous remarquons d'après la figure 28 que chez les chiens de l'Est, il y a une baisse considérable des valeurs du coefficient de détermination R2 et du coefficient de corrélation de concordance par rapport aux valeurs du modèle général, (0.743 vs 0.508 et 0.600 vs 0.460). Nous pouvons déduire que la concordance entre le poids observé et le poids estimé chez les chiens de l'Est est vraiment faible.

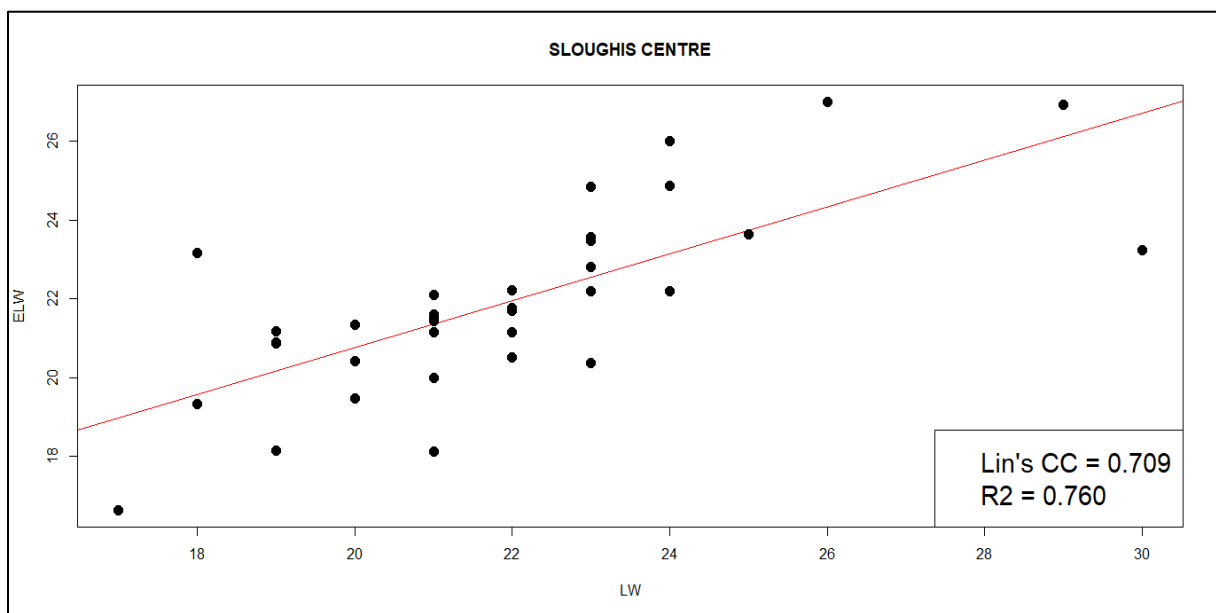
#### **4.3.3. Chez les chiens de l'Ouest**



**Figure 29 :** Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi de la région Ouest

Chez les chiens de l'Ouest (d'après la figure 29), nous remarquons que la valeur du coefficient de corrélation de concordance a augmenté et atteint la valeur de 0.829, une valeur excellente si l'interprétation se fait comme celle de la corrélation de Pearson mais est considérée comme faible selon McBride (2005).

#### 4.3.4. Chez les chiens du Centre



**Figure 30 :** Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi de la région Centre

La figure 30 nous mène à déduire que la valeur du coefficient de corrélation de concordance a baissé par rapport à celle du modèle général (0.709 vs 0.743) malgré le fait que la valeur du coefficient de détermination ( $R^2$ ) de ce modèle a augmenté par rapport à celle du modèle général (0.760 vs 0.600). La concordance de ce modèle est donc faible selon McBride (2005).

Les résultats obtenus montrent que le modèle avec la plus haute précision était celui des chiens du Centre avec un coefficient de détermination de 76% et le modèle dont la concordance entre les valeurs observées et les valeurs estimées était celui des chiens de l'Ouest avec une valeur de 82.9%.

Dans le but d'essayer d'améliorer la qualité et la précision des formules mathématiques pour l'estimation du poids chez les chiens étudiés et d'augmenter le coefficient de corrélation de concordance (CCC), des modèles séparés du second degré (en fonction de la région et du sexe ensemble) vont être proposés.

#### 4.4. Etude de régression chez les chiens étudiés en fonction de la région géographique et du sexe pour l'estimation du poids (Modèles séparés au second degré)

Afin d'essayer d'améliorer la qualité et la robustesse des formules mathématiques qui vont nous permettre l'estimation du poids chez les chiens étudiés, des modèles séparés du second degré en fonction de la fusion région\*sexe ont été proposés.

Les résultats des différents modèles obtenus figurent dans le tableau 10.

**Tableau 10** : Modèles statistiques séparés du second degré, obtenus par régression linéaire multiple

Région	Sexe	Modèles	$\hat{\beta}_i$				$R^2$	P-value
			$\hat{\beta}_0$	$\hat{\beta}_1$	$\hat{\beta}_2$	$\hat{\beta}_3$		
Est	Male	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1$	-1.86	0.36			0.370	0.003
	Femelle	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_3$	9.07	0.95			0.650	0.003
Ouest	Male	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_2$	-26.62	0.69			0.700	0.000
	Femelle	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_4$	4.73	0.24			0.480	0.000
Centre		$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_2$	-18.78	0.57			0.700	0.000
	Male	$\hat{y}_2 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_2 + \hat{\beta}_2 x_5$	-19.84	0.42	0.35		0.790	0.000
		$\hat{y}_3 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_2 + \hat{\beta}_2 x_5 + \hat{\beta}_3 x_6$	-21.03	0.52	0.56	-0.20	0.860	0.000
	Femelle	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_2$	-8.71	0.44			0.650	0.000

$x_1$ : Hauteur de la croupe (HR),  $x_2$ : Hauteur au garrot (HW),  $x_3$ : Largeur de la tête (HdW),  $x_4$ : Longueur du corps (BL),  $x_5$ : Circonférence de la cuisse (TC),  $x_6$ : Circonférence thoracique (CC),  $\hat{\beta}_0$ =Constante,  $\hat{\beta}_i$ = coefficient de régression,  $R^2$ =Coefficient de détermination.

Les résultats du tableau 10 montrent clairement que pour tous les groupes nous avons obtenu un seul modèle à l'exception des males du Centre dont nous avons obtenus trois modèles. Chez les males de la région Est, le modèle est composé d'une seule variable prédictive qui est la hauteur de la croupe dont le coefficient de régression est de 0.36, une constante de -1.86, un coefficient de détermination  $R^2$  de 37% et une valeur de probabilité de 0.003. Nous remarquons que la valeur du coefficient de détermination a baissé par rapport au modèle séparé du premier degré 46% et du modèle général 60%. Donc il est fortement recommandé d'utiliser la formule du modèle général pour estimer le poids des males de la région Est.

Chez les femelles de la région Est, le modèle obtenu est composé d'une seule variable prédictive qui est la largeur de la tête dont le coefficient de régression était de 0.95, une constante de 9.07, un coefficient de détermination de 65% et une valeur de probabilité de 0.003. Nous avons remarqué une amélioration de la qualité du modèle vu la hausse de la valeur du coefficient de détermination  $R^2$  par rapport à celle du modèle général et celle du modèle séparé du premier degré 65% vs 60% et 46% respectivement. Il est donc recommandé d'utiliser le modèle séparé du second degré pour estimer le poids vif des femelles de la région Est.

Au niveau de la région Ouest, le modèle obtenu pour les males avait la hauteur au garrot (HW) comme variable prédictive avec un coefficient de régression de 0.69, une constante de -26.62, un coefficient de détermination de 70% et une valeur de probabilité de 0.000. Le coefficient de détermination a augmenté par rapport au modèle général (60%) mais il a baissé par rapport au modèle séparé du premier degré (72%) donc, il est recommandé d'utiliser le modèle séparé du premier degré pour estimer le poids vif des males de la Région Ouest.

Un seul modèle a été obtenu chez les femelles aussi avec la longueur du corps (BL) comme variable prédictive dont le coefficient de régression était de 0.24, une constante de 4.73, un coefficient de détermination de 48% et une valeur de probabilité de 0.000. Il est donc fortement recommandé d'utiliser le modèle séparé du premier degré pour estimer le poids vif des males de la Région Ouest.

Chez les males de la région Centre, nous avons obtenu trois modèles pour estimer le poids vif de ces chiens, le premier modèle est composé de la hauteur au garrot (HW) comme seule et unique variable prédictive avec un coefficient de régression de 0.57, une constante de -18.78, un coefficient de détermination de 70% et une valeur de probabilité de 0.000. Le second modèle est composé de la hauteur au garrot (HW) et de la circonférence de la cuisse (TC) comme variables prédictive, le coefficient de régression la hauteur au garrot était de 0.42 et celui de la

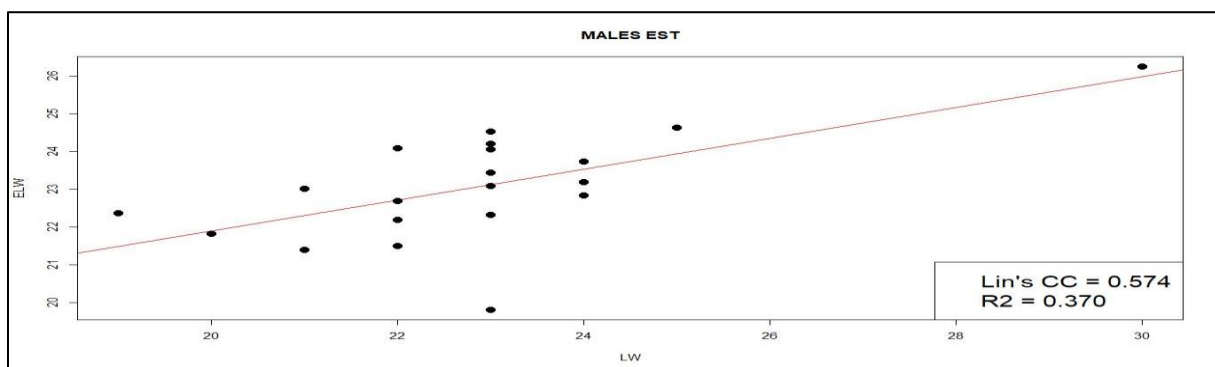
circonférence de la cuisse était de 0.35, la constante du modèle avait une valeur de -19.84 et le coefficient de détermination était de 79%. Le troisième modèle est composé quant à lui de trois variables prédictives, la hauteur au garrot (HW), la circonférence de la cuisse (TC) et la circonférence thoracique (CC), leurs coefficients de régression étaient de 0.52, 0.56 et -0.20 respectivement, la constante du modèle avait une valeur de -21.03, le coefficient de détermination était de 86% et la valeur de probabilité de 0.000. Il est donc fortement recommandé d'utiliser le troisième modèle ( $\hat{y}_3$ ) pour estimer le poids vif des males du centre vu la valeur importante de son coefficient de détermination (86%) qui a augmenté par rapport à celle du modèle général (60%) et celle du modèle séparé du premier degré (76%).

Finalement, un seul modèle a été obtenu chez les femelles du centre avec la hauteur au garrot comme seule variable prédictive dont le coefficient de régression était de 0.44, une constante de -8.71, un coefficient de détermination de 64% et une valeur de probabilité de 0.000. Nous avons remarqué que la valeur du coefficient de détermination de ce modèle est plus grande que celle du modèle général (60%) mais plus petite que celle du modèle séparé du premier degré (76%). Donc, chez cette catégorie, il est fortement recommandé d'utiliser le modèle séparé du premier degré pour estimer le poids vif.

#### **4.4.1. Mesure de la concordance par les Statistiques de Lin (Coefficient de corrélation de concordance) pour les modèles séparés du second degré (Région\*sexe).**

Les mesures de concordance entre le poids vif observé et le poids estimé chez les chiens en fonction de la région et du sexe sont présentés par les figures 31, 32, 33, 34, 35 et 36. Dans chaque figure, l'axe des abscisses (x) représente le poids observé ou mesuré (LW) et l'axe des ordonnées (y) représente le poids estimé (ELW). La ligne en rouge représente la courbe de concordance.

##### **4.4.1.1. Chez les males de l'Est**

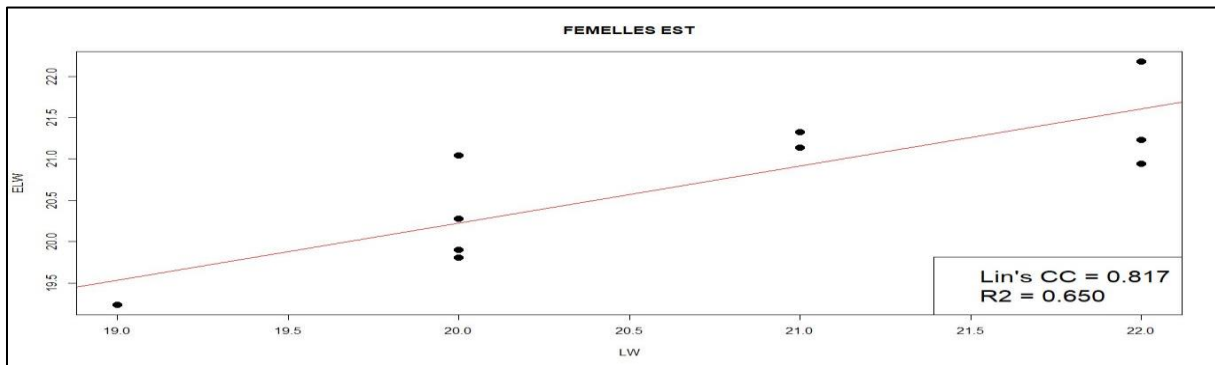


**Figure 31 :** Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi Males de la région Est



Nous remarquons selon la figure 31 que chez les males de la région Est la concordance entre les valeurs du poids vif observé (LW) et celles du poids estimé (ELW) est vraiment faible (0.574). Il y a eu une baisse de la valeur du coefficient de corrélation de concordance par rapport au modèle général (0.743) et une augmentation de cette valeur par rapport au modèle séparé du premier degré (0.508). Donc, il est préférable d'utiliser le modèle général pour estimer le poids des chiens males de la région Est.

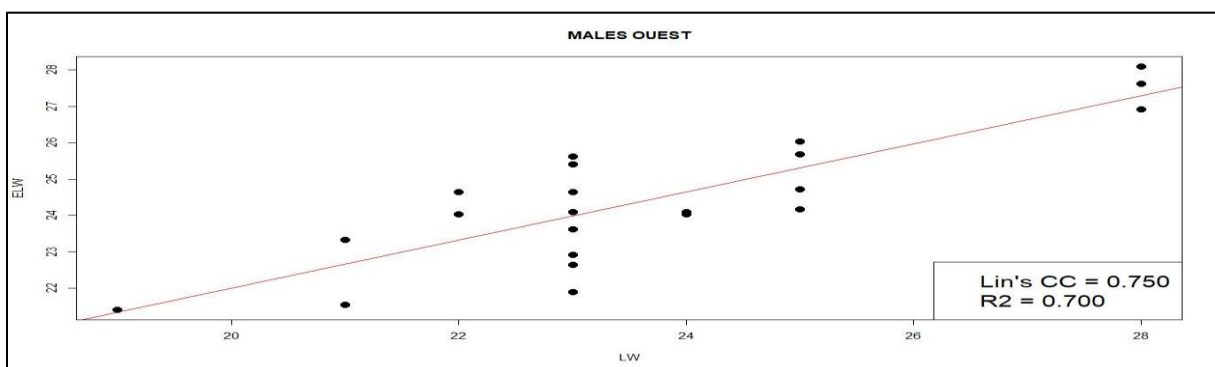
#### 4.4.1.2. Chez les femelles de l'Est



**Figure 32 :** Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi Femelles de la région Est

Dans le modèle obtenu chez les femelles de la région Est, nous remarquons une hausse de la valeur du coefficient de corrélation de concordance par rapport à celle du modèle général et par rapport à celle du modèle séparé du premier degré (0.817 vs 0.743 et 0.508 respectivement). Il est donc fortement recommandé d'utiliser le modèle séparé du second degré pour estimer le poids des chiens femelles de la région Est.

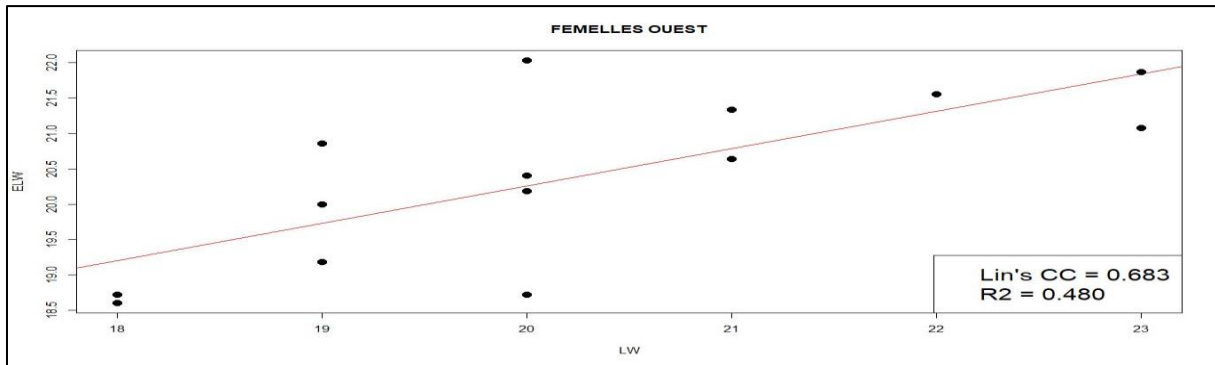
#### 4.4.1.3. Chez les males de l'Ouest



**Figure 33 :** Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi Males de la région Ouest

Les résultats mentionnés dans la figure 33 montrent que la valeur du coefficient de corrélation de concordance du modèle obtenu chez les males de la région Ouest a connu une légère baisse par rapport à celle du modèle séparé du premier degré (0.750 vs 0.829). Le modèle recommandé pour estimer le poids vif des chiens de cette catégorie est le modèle séparé du premier degré.

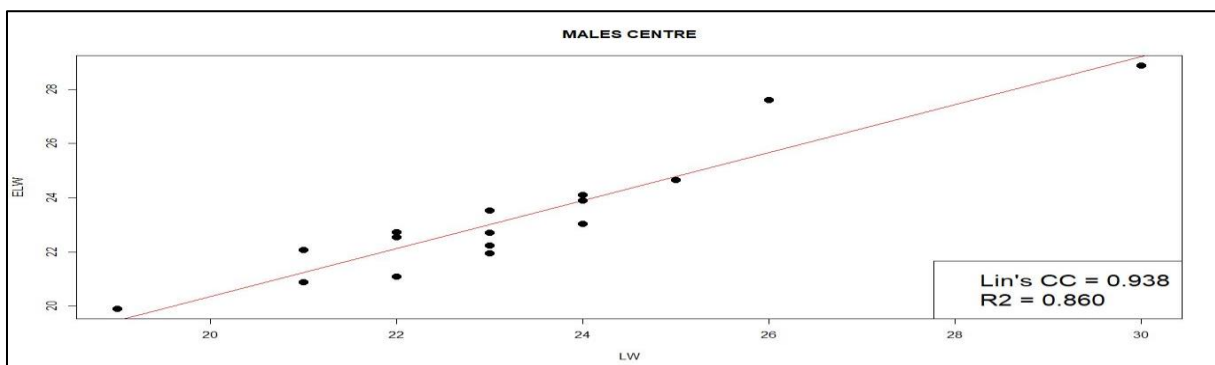
#### 4.4.1.4. Chez les femelles de l'Ouest



**Figure 34 :** Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi Femelles de la région Ouest

La figure 34 nous informe que chez les femelles de la région Ouest, la valeur du coefficient de corrélation de concordance du modèle obtenu a diminué par rapport à celle du modèle général et celle du modèle séparé du premier degré (0.683 vs 0.743 et 0.829 respectivement). Le modèle recommandé pour estimer le poids vif des chiens de cette catégorie est le modèle séparé du premier degré.

#### 4.4.1.5. Chez les males du Centre

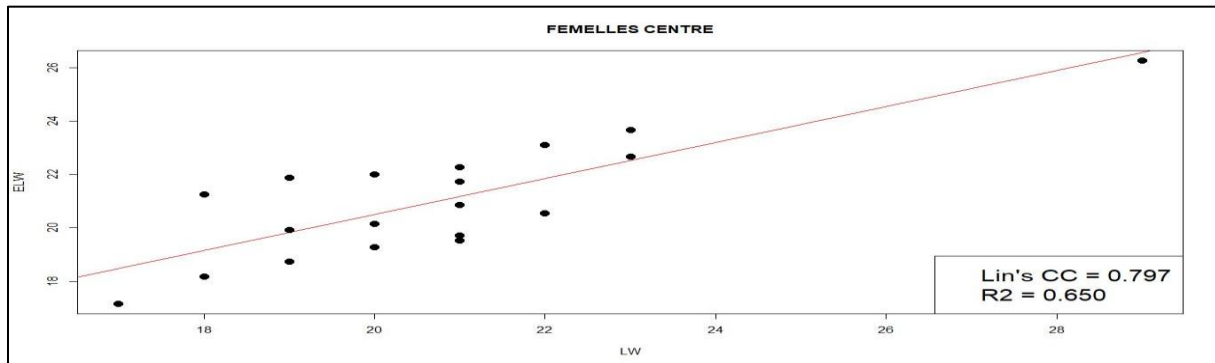


**Figure 35 :** Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi Males de la région Centre

Le modèle obtenu chez les males de la région Centre a une valeur du coefficient de corrélation de concordance de 0.938 d'après la figure 35. Cette valeur a connu une hausse par rapport à celle du modèle général et à celle du modèle séparé du premier degré (0.938 vs 0.743 et 0.709

respectivement). Nous recommandons ce modèle pour estimer le poids des chiens de cette catégorie.

#### **4.4.1.6. Chez les femelles du Centre**



**Figure 36 :** Coefficient de corrélation de concordance de Lin entre le poids observé et le poids estimé chez les Sloughi Femelles de la région Centre

Les résultats de la figure 36 ci-dessus nous montrent que le modèle obtenu chez les femelles de la région Centre a un coefficient de corrélation de concordance de 0.797, une valeur supérieure à celle du modèle général et à celle du modèle séparé du premier degré (0.797 vs 0.743 et 0.709 respectivement). Il est préconisé d'utiliser ce modèle pour l'estimation du poids chez les chiens de cette catégorie.

D'après l'ensemble des résultats obtenus et après l'utilisation des modèles séparés du second degré nous remarquons que le modèle qui présentait la plus grande valeur du coefficient de détermination  $R^2$  et celle du coefficient de corrélation de concordance (CCC) qui est considérée comme modérée selon McBride (2005) était le troisième modèle des males de la région Centre ( $\hat{Y}_3$ ) avec 86% et 93.8% respectivement. Le modèle qui avait présentait les plus petites valeurs du coefficient de détermination et du coefficient de corrélation de concordance était celui des males de la région Est avec 37% et 57.4% respectivement. Selon les exigences de McBride (2005), aucun des modèles obtenus n'avait une concordance (très bien 0.95-0.99 ou excellente  $>0.99$ ), toutes étaient faibles à l'exception du troisième modèle des males de la région Centre.

La baisse des valeurs des coefficients de détermination  $R^2$  et du coefficient de corrélation de concordance (CCC) dans les modèles séparés pourrait probablement être due en premier lieu à la taille de l'échantillon (très petite) et aussi aux mensurations utilisées dans notre étude, l'utilisation d'autres paramètres comme la profondeur de poitrine, la hauteur des membres, la largeur de la croupe, la largeur des épaules pourrait probablement nous aider à améliorer nos modèles.

Dans cette étude et dans cette population étudiée, la hauteur de la croupe est considérée comme une variable prédictive universelle en premier, puis la hauteur au garrot qui sont présentes dans la plupart des modèles obtenus et surtout dans le modèle général.

Dans le présent travail, les équations de prédiction étaient spécifiques à la race étudiée ; chez les bergers allemands, le Labrador retriever et le Malinois belges, les résultats obtenus étaient presque similaires concernant les corrélations significatives entre le poids et les mensurations corporelles (Dirlik. H, 2008). Chez les chiens indigènes Nigériens, les résultats étaient également similaires (Emehelu et al., 2012). Dans leur étude, les corrélations entre le poids vif et le tour de poitrine (CC) étaient les plus élevées. Chez les chiens Zağar, le poids vif a pu être prédit de manière adéquate à partir de la longueur du corps (BL), de la largeur de la poitrine, du tour de poitrine (CC), de la circonférence des os du canon (WrC) et de l'intervalle entre les oreilles (HdW). Chez les chiens Zerdava, le poids vif a pu être prédit à partir de la hauteur au garrot (HW), de la largeur de la poitrine, du tour de poitrine (CC) et de l'intervalle entre les oreilles (HdW), la longueur de la tête (HL) et enfin, chez les chiens Çatalburun, le poids vif a pu être prédit à partir de la hauteur au garrot (HW), de la longueur du corps (BL) et du tour de poitrine (CC) (Özkul et al., 2021). Chez les chiens originaires des Philippines, l'analyse de corrélation et de régression a montré que, quel que soit le sexe, toutes les mesures corporelles utilisées avaient des relations linéaires positives avec le poids corporel, mais que le meilleur déterminant du poids pour les deux sexes était la circonférence thoracique (CC) avec un coefficient de détermination.  $R^2 = 0,468$  (Valdez et Valencia, 2004). Cependant, l'étude réalisée par l'école vétérinaire militaire de Gemlik, la longueur des oreilles était le prédicteur significatif le plus élevé du poids vif chez les chiens de berger allemand (Elmaz et al., 2006). L'utilisation de la méthode des arbres de classification et de régression (CART) et des splines de régression adaptative multivariée (MARS) a expliqué 68 % et 91 % de la variation du poids vif des chiens Tazi turcs avec des mesures morphométriques (Çelik & Yilmaz, 2018).

L'utilisation de modèles de régression multiple chez d'autres mammifères comme le mouton Karya a montré que les coefficients de détermination ( $R^2$ ) les plus élevés ont été obtenus à partir des modèles formés pour la longueur du corps ou la longueur du corps et le tour de poitrine ensemble ( $R^2 = 0,79$ ,  $R^2 = 0,87$ ) et cela a permis de conclure que le poids vif des moutons Karya peut être estimé avec une grande précision (Yilmaz et al., 2013). Chez le dromadaire, tous les modèles d'équations de poids vif contenaient le tour de poitrine où les valeurs  $R^2$  étaient comprises entre 0,74 et 0,99. Ces résultats indiquaient que le tour de poitrine

était la mesure la plus importante pouvant être utilisée pour estimer le poids vif parmi les mesures corporelles (Meghelli et al., 2020).

Une étude menée par notre équipe qui portait sur les modèles statistiques pour la prédiction du poids vif chez quatre races de chien en Algérie dont le berger belge Malinois, le husky Sibérien, le Sloughi Algérien et le berger Allemand a montré l'obtention d'un modèle de très haute précision et une excellente concordance entre le poids vifs observé et le poids estimé chez les males berger Allemand avec un coefficient de détermination  $R^2 = 99.6\%$  et un coefficient de corrélation de concordance  $CCC = 99.8\%$ . (Haddam et al., 2024). Ce résultat pourrait nous mener à dire que probablement, le berger allemand est un chien bien proportionné vis-à-vis du poids et de son anatomie extérieure et que les males de cette race sont le fruit d'un programme de sélection et d'amélioration d'une très grande précision.

**Chapitre II : (Constitution d'une bibliothèque d'ADN des populations de Sloughi en Algérie)**

L'extraction de l'ADN à partir des échantillons sanguins du chien Sloughi a été effectuée au niveau du laboratoire de Physiopathologie et biochimie de la nutrition (PpaBioNut) et du laboratoire de génétique appliquée en agriculture, écologie et santé publique (GenApAgiE) de l'université de Tlemcen. Cette partie nous a permis d'avoir 59 ADN pour l'instant.

Les ADN obtenus sont de qualité acceptable (pour un nombre un peu réduit d'échantillons) mais avec des quantités très importantes ce qui va nous permettre le lancement d'un nombre important de projets de recherche. L'extraction de l'ADN est toujours en cours d'exécution en utilisant le kit Wiragen dans le but d'obtenir des ADN de qualité meilleure.

# ***CONCLUSION ET PERSPECTIVES***

La valeur socio-culturelle des ressources génétiques canines en Algérie est considérable, car elles font partie du patrimoine génétique national.

Le premier chapitre de ce travail nous a permis d'avoir une idée détaillée sur la morphométrie des populations de chiens Sloughi vivant sur le sol Algérien au niveau des différentes régions étudiées. Le dimorphisme sexuel était évident dans 10 mensurations corporelles dont la hauteur au garrot (HW), la hauteur de la croupe (HR), la longueur de la tête (HL), la largeur de la tête (HdW), la longueur de la nuque (NL), la longueur du corps (BL), la circonférence du museau (MC), la circonférence de la tête (HC), la circonférence abdominale (WC), la circonférence de la cuisse (TC) et la circonférence de l'avant-bras (FC). Pour le poids, les mâles étaient aussi plus lourds que les femelles. Ce phénomène est très commun chez les mammifères et surtout chez l'ordre des carnivores (Tombak et al., 2024). Les femelles avaient par contre des indices plus importants que ceux des mâles surtout l'indice de masse (IM) et l'indice de format (FI).

Les résultats de ce travail nous ont permis aussi de montrer qu'il y avait des différences entre les populations de l'Est, du Centre et de l'Ouest sur le plan morphométrique et surtout pour les mensurations hauteur au garrot (HW), hauteur de la croupe (HR), longueur du museau (ML), longueur de la nuque (NL), longueur de la queue, circonférence abdominale (WC), circonférence de la cuisse (TC), circonférence de l'avant-bras et le poids vif (LW). Pour les indices corporels, il y avait aussi une différence entre les populations étudiées surtout pour l'indice de masse (IM), l'indice céphalique (CI), l'indice corps-queue (BTI), l'indice de profil (WRI) et l'indice tête-nuque (HNI).

Lors de l'utilisation de la régression linéaire multiple pour l'obtention de modèles mathématiques permettant l'estimation du poids des chiens à partir des mensurations corporelles utilisées, nous avons remarqué que le modèle général pouvait s'appliquer uniquement sur les chiens de l'Est vu l'obtention d'un coefficient de détermination ( $R^2$ ) plus élevé. Ces résultats nous ont permis d'attribuer un modèle (général ou séparé) à chaque groupe de chiens, que ce soit en fonction de la région géographique (modèle séparé du premier degré) ou en fonction du sexe et de la région géographique (modèle séparé du second degré).

Le modèle obtenu avec le plus haut coefficient de détermination ( $R^2$ ) était celui des mâles de la région du Centre ( $R^2 = 0.860$ ) avec la hauteur au garrot (HW), la circonférence de la cuisse (TC) et la circonférence thoracique (CC) comme variables prédictives. Ce travail nous a aussi mené à dire que dans l'ensemble des chiens étudiés, la hauteur de la croupe (HR) pourrait être



## ***CONCLUSION ET PERSPECTIVES***

---

qualifiée de variable prédictive universelle vu qu'elle est la seule variable prédictive qui constitue le modèle général avec un coefficient de détermination ( $R^2 = 0.600$ ).

L'utilisation des statistiques de Lin pour le calcul du coefficient de corrélation de concordance (CCC) entre le poids vif mesuré et le poids estimé a rendu les résultats de ce travail plus précis et plus pointu contrairement à d'autres travaux qui se sont contentés uniquement de la valeur du  $R^2$  pour évaluer la précision des modèles de régression. Pour tous les modèles obtenus, la conclusion finale sur la concordance selon McBride (2005) était faible à l'exception du modèle obtenu chez les males du Centre où la concordance était modérée (CCC = 93.8%).

Dans le but d'améliorer la précision et la concordance des modèles statistiques obtenus, une suggestion d'ajout de nouvelles mensurations corporelles et l'augmentation du nombre d'individus ont été proposés.

D'après nos résultats, nous pouvons suggérer qu'en Algérie, il se pourrait qu'il existe un potentiel génétique et une diversité morphologique importante au sein de la population de Sloughi et que cela pourrait être bénéfique pour un important programme d'amélioration génétique et la création d'un standard de race afin de préserver cette race emblématique menacée qui est considérée comme un patrimoine national.

Cette étude a contribué à la rédaction et au dépôt de demande de la création d'un standard national officiel de la race « Sloughi Algérien ». Elle pourrait aussi permettre aux éleveurs d'orienter la sélection de leurs chiens et d'orienter chaque animal vers l'activité la plus adaptée (Chasse, course.....etc).

Le deuxième chapitre de ce travail nous a permis de mettre au point une biothèque d'ADN de l'ensemble des Sloughi qui sont et qui seront confirmés par l'Association Nationale pour la Protection du Sloughi et de la Faune Sauvage (ANPSFS) dans le but de réaliser une multitude d'études génétiques sur le Sloughi Algérien et surtout pour faciliter les programmes de sélection génétique.

Dans le même contexte, et après de nombreux travaux sur le terrain et manifestations scientifiques en collaboration avec l'Association Nationale pour la Protection du Sloughi et de la Faune Sauvage (ANPSFS), nos perspectives visent en premier lieu à mettre au point des programmes de recherche, d'amélioration et de préservation du Sloughi afin d'améliorer la gestion de ce patrimoine et éviter son extinction.

Nos recommandations portent sur :

## *CONCLUSION ET PERSPECTIVES*

---

- ✚ La création de centres d'élevage et de reproduction dans les différentes parties du territoire national
- ✚ La coordination et la collaboration entre les éleveurs qualifiés et les différentes institutions étatiques (Universités, écoles, centres de recherche).
- ✚ L'identification des chiens et l'établissement de généalogie (Pédigrée)
- ✚ Création des livres des origines (studbook)
- ✚ Encourager tous les détenteurs du Sloughi à s'inscrire dans l'ANPSFS ce qui facilitera le recensement des chiens
- ✚ Traduire les méthodes archaïques de sélection sous forme de formules scientifiques comme il a été fait pour les indices utilisés dans cette étude
- ✚ Création des réseaux nationaux et internationaux de recherche dans le domaine de la gestion des ressources génétiques des canidés.
- ✚ La gestion des croisements et intervention de spécialiste dans le choix des géniteurs pour minimiser le risque de consanguinité et l'apparition d'anomalies génétique
- ✚ Soumettre tous les géniteurs choisis à des tests génétiques afin d'identifier l'existence ou non de gènes défailants
- ✚ Etablir un standard officiel propre au Sloughi Algérien

***REFERENCES***  
***BIBLIOGRAPHIQUES***

## ***REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES***

---

**Adams, D. C., Rohlf, F. J. and Slice, D. E., 2004.** Geometric morphometrics: Ten years of progress following the 'revolution'. *Italian Journal of Zoology*, 71(1), pp. 5-16.

**Adams, N.G., Schwenke, P., Smith, G.J. and Trainer, V.L., 2017.** Microsatellite markers for population genetic applications in the domoic acid-producing diatom *Pseudo-nitzschia australis* Frenguelli (Bacillariophyceae). *Protist*, 168(2), pp.197-205.

**Altman, D.G., 1991.** *Practical Statistics for Medical Research*. Chapman and Hall, London.

**Anderson-Sprecher, R., 1994.** Model Comparisons and  $R^2$ . *The American Statistician*, 48, pp. 113-117.

**Barton, N.H. and Hewitt, G.M., 1985.** Analysis of hybrid zones. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 16, pp.113-148.

**Begon, M., Townsend, C.R. & Harper, J.L., 2006.** *Ecology: From Individuals to Ecosystems*. Blackwell Publishing, pp. 150-175.

**Bookstein, F. L., 1991.** *Morphometric Tools for Landmark Data: Geometry and Biology*. Cambridge University Press, Cambridge.

**Boretti, F.S., Sieber-Ruckstuhl, N.S., Favrot, C., Lutz, H., Hofmann-Lehmann, R. and Reusch, C.E., 2006.** Evaluation of recombinant human thyroid-stimulating hormone to test thyroid function in dogs suspected of having hypothyroidism. *American Journal of Veterinary Research*, 67(12), pp.2012-2016.

**Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M. & Davis, R.W., 1980.** Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32(3), pp. 314-331.

**Brookes, A.J., 1999.** The essence of SNPs. *Gene*, 234(2), pp. 177-186.

**Bruce, P. and Bruce, A., 2017.** *Practical Statistics for Data Scientists*. O'Reilly Media.

**Burke, T., Hanotte, O., Bruford, M.W. and Cairns, E., 1991.** Multilocus and single locus minisatellite analysis in population biological studies. *EXS*, 58, pp.154-168.

**Cardinale, B.J., Duffy, J.E., Gonzalez, A., Hooper, D.U., Perrings, C., Venail, P., Narwani, A., Mace, G.M., Tilman, D., Wardle, D.A., Kinzig, A.P., Daily, G.C., Loreau, M., Grace, J.B., Larigauderie, A., Srivastava, D.S. & Naeem, S., 2012.** Biodiversity loss and its impact on humanity. *Nature*, 486(7401), pp.59-67.

## **REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES**

---

**Cavalli-Sforza, L., 2000.** Genes, Pueblos y Lenguas. Barcelona: Ed. Crítica.

**Cecchi, F., Paci, G., Spaterna, A. and Ciampolini, R., 2013.** Genetic variability in Bracco Italiano dog breed assessed by pedigree data. Italian Journal of Animal Science, 12, pp.348-352.

**Celik, S. and Yilmaz, O., 2018.** Prediction of body weight of Turkish Tazi dogs using data mining techniques: classification and regression tree (CART) and multivariate adaptive regression splines (MARS). Journal of Zoology, 50(2), pp.575-583.

**Charlesworth, B., 2006.** Balancing selection and its effects on sequences in nearby genome regions. PLoS Genetics, 2(4), pp. e64.

**Chaulet, JF., 1998.** UNE EXPERIENCE AVEC LES SLOUGHIS D'ALGERIE (1984-1996), Présentation et documentation, pp. 4-8.

**Clarke, K.R. and Warwick, R.M., 2001.** A further biodiversity index applicable to species lists with variable sampling effort. Marine Pollution Bulletin, 42(1), pp.85-90.

**Clutton-Brock, J., 1999.** A Natural History of Domesticated Mammals. Cambridge University Press, Cambridge, pp. 20-35.

**Coppinger, R. and Coppinger, L., 2001.** Dogs: A New Understanding of Canine Origin, Behavior, and Evolution. University of Chicago Press.

**Daminet, S. and Ferguson, D.C., 2003.** Influence of drugs on thyroid function in dogs. Journal of Veterinary Internal Medicine, 17, pp.463-472.

**De Fercha, 2003.** Rapport national sur les ressources zoogénétiques du Tchad.

**De Micheaux, P.L., Drouilhet, R. and Liquet, B., 2011.** Présentation du logiciel R. In: Le logiciel R. Statistique et probabilités appliquées. Springer, Paris.

**De Queiroz, K., 2007.** Species concept and species delimitation. Systematic Biology, 56(6), pp.879-886.

**Dekomien, G., Runte, M., Gödde, R. & Epplen, J.T., 2000.** Generalized progressive retinal atrophy of Sloughi dogs is due to an 8-bp insertion in exon 21 of the PDE6B gene. Cytogenetics and Cell Genetics, 90(3-4), pp.261-267.

**Dodds, W.J., 2011.** Guide to Congenital and Heritable Disorders in Dogs: Includes Genetic Predisposition to Diseases. The Humane Society Veterinary Medical Association.

## ***REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES***

---

- Drobnjak, D., 2012.** Turkish shepherd dog Kangal. Cepib Publisher, Zemun, Belgrade, Serbia.
- Drobnjak, D., Matic, V. and Miliyevic, D., 2010.** Eksterijerpasaosnovneprocene. Tipoštampa, Belgrade, Serbia, pp. 27-33.
- Duran, C., Appleby, N., Edwards, D. and Batley, J., 2009.** Molecular genetic markers: discovery, applications, data storage and visualisation. *Current Bioinformatics*, 4(1), pp. 16-27.
- Ebelt, A.K., Fuchs, S., Weber, C., Müller, E. and Giger, U., 2020.** Survey of blood groups DEA 1, DEA 4, DEA 5, Dal, and Kai 1/Kai 2 in different canine breeds from a diagnostic laboratory in Germany. *Frontiers in Veterinary Science*, 7, pp.1-10.
- Ellegren, H., 2004.** Microsatellites: Simple sequences with complex evolution. *Nature Reviews Genetics*, 5(6), pp. 435-445.
- Elmaz, O., Aksoy, O.A., Dikmen, S. and Zonturlu, A., 2006.** Growth performance, survival ratio and body measurements until weaning age of German Shepherd dogs. In: *Proceedings of the 31st World Congress, World Small Animal Veterinary Association, Prague, Czech Republic.*
- Emehelu, C.O., Eze, J.I., Akune, A. and Chah, K.F., 2012.** Estimation of live body weight from body measurements in Nigerian local dogs. *African Journals Online*, 30(2), pp.65-73.
- Falconer, D.S. & Mackay, T.F.C., 1996.** *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed. Essex: Longman, pp. 230-245.
- FAO, 2012.** Réalisation d'enquêtes et de suivi pour les ressources zoogénétiques. Directives FAO.
- FAO., 2020.** *The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*. FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments.
- Frąckowiak, H., Kiryk, E., Graczyk, S. and Zdun, M., 2021.** Preliminary biometric characteristics of Border Collies and their dependence on sport activity. *Animal Science and Genetics*, 17(4), pp. 25-36.
- Frankham, R., 1995.** Conservation genetics. *Annual Review of Genetics*, 29, pp.305-327.
- Frankham, R., Ballou, J.D. and Briscoe, D.A., 2010.** *Introduction to Conservation Genetics*. 2nd ed. Cambridge University Press, Cambridge, pp. 120-130.
- Frantz, L.A.F., Mullin, V.E., Pionnier-Capitan, M., Lebrasseur, O., Ollivier, M., Perri, A., Linderholm, A., Mattiangeli, V., Teasdale, M.D., Dimopoulos, E.A., Tresset, A., Duffraisse,**

## **REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES**

---

**M., McCormick, F., Bartosiewicz, L., Gál, E., Nyerges, É.A., Sablin, M.V., Bréhard, S., Mashkour, M., Balasescu, A., Gillet, B., Hughes, S., Chassaing, O., Hitte, C., Vigne, J.-D., Dobney, K., Hänni, C., Bradley, D.G. & Larson, G., 2016.** Genomic and archaeological evidence suggest a dual origin of domestic dogs. *Science*, 352(6290), pp. 1228-1231.

**Gaughan, K.R. and Bruyette, D.S., 2001.** Thyroid function testing in Greyhounds. *American Journal of Veterinary Research*, 62, pp.1130-1133.

**Gérard Grégoire, F.-X., Jollois, F.-X., Petiot, J.-F., Qannari, A., Sabourin, S. and Viguié-Pla, S., 2012.** Les logiciels et l'enseignement de la statistique dans les départements " Statistique et Informatique Décisionnelle " (STID) des IUT. *Statistique et Enseignement, Société Française de Statistique*, 2(2), pp. 5-24.

**González, A., Luque, M., Rodero, E., González, C., Aguilera, R., Jiménez, J., Sepúlveda, N., Bravo, S. and Herrera, M., 2011.** Use of morphometric variables for differentiating Spanish hound breeds. *International Journal of Morphology*, 29, pp.1248-1255.

**González, A., Luque, M., Rodero, E., González, C., Aguilera, R., Jiménez, J., Sepúlveda, N., Bravo, S. and Herrera, M., 2011.** Use of morphometric variables for differentiating Spanish hound breeds. *International Journal of Morphology*, 29, pp.1248-1255.

**Graves, S., Piepho, H., Dorai-Raj, S. and W., 2023.** multcompView: Visualizations of Paired Comparisons. R package version 0.1-9. Available at: <https://CRAN.R-project.org/package=multcompView>.

**Haddam, H.Y., Mennani, A., Belala, R., Hamel, W., Mokrani, S., Saad, C., Abdelbari, H., Benhamadi, M.E.A. and Gaouar, S.B.S., 2024c.** Statistical models based on morphometric traits for body weight prediction in four dog breeds raised in Algeria. *Genetic Biodiversity Journal*, 8(2), pp.37-46.

**Haddam, H.Y., Mennani, A., Hamel, W., Benhamadi, M.E.A. and Gaouar, S.B.S., 2021.** Morphological characterization of an Algerian Sighthound known as The Sloughi raised in the Wilaya of Tlemcen, Northwest of Algeria. *Genetic Biodiversity Journal*, 5(1), pp.74-86.

**Haddam, H.Y., Mennani, A., Yilmaz, O., Abdelbari, H., Mkedder, I., Benhamadi, M.E.A., Hamel, W. and Gaouar, S.B.S., 2024b.** The first morphological study of the Sloughi dog breed in Algeria. *South African Journal of Animal Science*, 54(2), pp.135-146.

## **REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES**

- 
- Haddam, H.Y., Zenagui, M., Hasnaoui, I., Mkedder, I. and Gaouar, S.B.S., 2024a.** Morphometric comparative study between Algerian Sloughi and Galgo cross Sloughi dogs raised in Northwest of Algeria and body weight estimation using morphometric traits. *Genetic Biodiversity Journal*, 8(1), pp.31-41.
- Hair, J.F., Anderson, R.E., Tatham, R.L. and Black, W.C., 1998.** *Multivariate Data Analysis*. Prentice Hall, New Jersey.
- Hames, B. D., 1998.** *Gel Electrophoresis of Proteins: A Practical Approach*. Oxford University Press, Oxford. pp. 45-60.
- Harris, H., 1989.** Enzyme polymorphisms in man. *Proceedings of the Royal Society Publishing B: Biological Sciences*, 164(995), pp. 298-310.
- Helland, I.S., 1987.** On the Interpretation and Use of  $R^2$  in Regression. *Biometrics*, 43(1), pp. 61-69.
- Hill, R.C., Fox, L.E., Lewis, D.D., Beale, K.M., Nachreiner, R.F., Scott, K.C., Sundstrom, D.A., Jones, G.L. and Butterwick, R.F., 2001.** Effects of racing and training on serum thyroid hormone concentrations in racing Greyhounds. *American Journal of Veterinary Research*, 62(12), pp.1969-1972.
- Hoffmann, M., & Sgrò, C.M., 2011.** Climate change and evolutionary adaptation. *Nature*, 470(7335), pp. 479-485.
- Hooper, D.U., Chapin III, F.S., Ewel, J.J., Hector, A., Inchausti, P., Lavorel, S., Loreau, M., Naeem, S., Schmid, B., Setälä, H., Symstad, A.J., Vandermeer, J., & Wardle, D.A., 2005.** Effects of biodiversity on ecosystem functioning: A consensus of current knowledge. *Ecology*, 86(6), pp. 1783-1796.
- Husson, F., Josse, J. and Pagès, J., 2010. *Principal Component Methods - Hierarchical Clustering - Partitional Clustering: Why Would We Need to Choose for Visualizing Data?*
- James, G., Witten, D., Hastie, T. and Tibshirani, R., 2014.** *An Introduction to Statistical Learning: With Applications in R*, pp. 78-79. Springer Publishing Company, Incorporated.
- Jeffreys, A.J., Wilson, V. & Thein, S.L., 1985.** Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. *Nature*, 314(6006), pp. 67-73.



## **REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES**

---

**Kacimi El-Hassani, A., 2022.** The causes of the disappearance of the Sloughi in Algeria. *The Sloughi Review*, 10, pp.5-10.

**Kane, S.A., Fernandez, L.S., Huff, D.E., Prada-Tiedemann, P.A. & Hall, N.J., 2024.** Canine detection of explosives under adverse environmental conditions with and without acclimation training. *PLoS ONE*, 19(2), p. e0297538.

**Kantrowitz, L.B., Peterson, M.E., Trepanier, L.A., Melián, C. and Nichols, R., 1999.** Serum total thyroxine, total triiodothyronine, free thyroxine, and thyrotropin concentrations in epileptic dogs treated with anticonvulsants. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 214(12), pp.1804-1808.

**Kassambara, A. and Mundt, F., 2020.** factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses. R package version 1.0.7. Available at: <https://CRAN.R-project.org/package=factoextra>.

**Kassambara, A., 2017.** Practical Guide to Principal Component Methods in R.

**Kavalseth, T., 1985.** Cautionary Note About  $R^2$ . *The American Statistician*, 39, pp. 279-285.

**King, G., 1986.** How Not to Lie with Statistics: Avoiding Common Mistakes in Quantitative Political Science. *American Journal of Political Science*, 30, pp. 666-687.

**Korn, E.L. and Simon, R., 1991.** Explained Residual Variation, Explained Risk, and Goodness of Fit. *The American Statistician*, 45(3), pp. 201-206.

**Kuhn, M., 2008.** Building Predictive Models in R Using the caret Package. *Journal of Statistical Software*, 28(5), pp. 1-26.

**Lagziel A, DeNise S, Hanotte O, Dhara S, Glazko V, Broadhead A, Davoli R, Russo V, Soller M, 2000.** Geographic and breed distribution of an Msp I PCR-RFLP in bovine growth, *Animal Genetics*, 31: 210–213.

**Lande, R., 1993.** Risks of population extinction from demographic and environmental stochasticity and random catastrophes. *American Naturalist*, 142(6), pp.911-927.

**Lander, E.S., Linton, L.M., Birren, B., et al., 2001.** Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*, 409(6822), pp. 860-921.

**Larson, G., Karlsson, E.K., Perri, A., Webster, M.T., Ho, S.Y., Peters, J., Stahl, P.W., Piper, P.J., Lingaas, F., Fredholm, M., Comstock, K.E., Modiano, J.F., Schelling, C., Agoulnik,**

## **REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES**

---

- A.I., Leegwater, P.A., Dobney, K., Vigne, J.D., Vilà, C., Andersson, L. & Lindblad-Toh, K., 2012.** Rethinking dog domestication by integrating genetics, archeology, and biogeography. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109(23), pp. 8878-8883.
- Lauvergne, J., 1982.** Les processus de domestication : Du sauvage au domestique. *Journal of Agricultural Science*, 95(3), pp. 123-137.
- Lauvergne, P., 1996.** The Hot Air in R<sup>2</sup>: Comment. *American Journal of Agricultural Economics*, 78(3), pp. 712-714.
- Le, S., Josse, J. and Husson, F., 2008.** FactoMineR: An R Package for Multivariate Analysis. *Journal of Statistical Software*, 25(1), pp. 1-18.
- Lejeune, F.X., 2012.** Introduction au logiciel SAS. Institut de Statistique de l'Université Pierre et Marie Curie.
- Lin, L.I., 1989.** A concordance correlation coefficient to evaluate reproducibility. *Biometrics*, 45(1), pp. 255–268.
- Lynch, M. & Katju, V., 2004.** The altered evolutionary trajectories of gene duplicates. *Trends in Genetics*, 20(11), pp. 544-549.
- Mangiaterra, S., Rossi, G., Antognoni, M.T., Cerquetella, M., Marchegiani, A., Miglio, A. and Gavazza, A., 2021.** Canine blood group prevalence and geographical distribution around the world: An updated systematic review. *Animals*, 11(2), p.342.
- Mardis, E.R., 2008.** Next-generation DNA sequencing methods. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 9, pp. 387-402.
- Mardis, E.R., next-generation sequencing platforms. 2008.** *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 9, pp. 387-402.
- Mayr, E., 1963.** *Animal Species and Evolution*. Harvard University Press.
- Mayr, E., 2000.** The Biological Species Concept. In: *The Evolutionary Synthesis: Perspectives on the Unification of Biology*. Harvard University Press, pp. 41-55.
- McBride, G.B., 2005.** A proposal for strength-of-agreement criteria for Lin's concordance correlation coefficient. NIWA Client Report: HAM2005-062.

## **REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES**

---

- McGuirk, A. and Driscoll, P., 1995.** The Hot Air in  $R^2$  and Consistent Measures of Explained Variation. *American Journal of Agricultural Economics*, 77, pp. 319-328.
- Meghelli, I., Kaouadji, Z., Yilmaz, O., Cemal, I., Karaca, O. and Gaouar, S.B.S., 2020.** Morphometric characterization and estimating body weight of two Algerian camel breeds using morphometric measurements. *Tropical Animal Health and Production*, 52, pp.2505-2512.
- Mejia, D., Burnett, L., Hebdon, N., Stevens, P., Shiber, A., Cranston, C., DeGreeff, L. and Waldrop, L.D., 2024.** Physical properties of odorants affect behavior of trained detection dogs during close-quarters searches. *Scientific Reports*, 14(1), p. 4843.
- Miller, J. N., and Miller, J. C., 2005.** *Statistics and Chemometrics for Analytical Chemistry*. Pearson Education, Harlow. pp. 123-145.
- Miller, T.L., 2020.** leaps: Regression Subset Selection. R package version 3.1. Available at: <https://CRAN.R-project.org/package=leaps>.
- Morin, P.A., Luikart, G. & Wayne, R.K., 2004.** SNPs in ecology, evolution and conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 19(4), pp. 208-216.
- Nagaoka, T., and Ogihara, Y., 1997.** Applicability of inter simple sequence repeat polymorphisms in wheat for use as DNA markers in comparison to RFLP and RAPD markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 94, pp. 597-602.
- Nei, M. and Roychoudhury, A.K., 1974.** Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*, 76, pp. 379–390.
- Nei, M., 1978.** Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89, pp. 583–590.
- Oğrak, Y.Z., Yoldaş, A., Urošević, M. and Drobnjak, D., 2014.** Some morphological traits of Tarsus Çatalburun breed of Turkish hunting dog. *Eurasian Journal of Veterinary Sciences*, 1, pp.25-29.
- Oldenbroek, J.K., 2007.** *Genetic Diversity and Animal Breeding*. Wageningen Academic Publishers, pp. 55-78.
- Olivoto, T. and Lúcio, A.D., 2020.** Metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(6), pp. 783-789.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

---

- Özkul, B.Y., Doka, P.C.K., Özen, D., Özbaşer, F.T., Özarslan, B. and Atasoy, F., 2021.** Correlation between live weight and body measurements in certain dog breeds. *South African Journal of Animal Science*, 51(2), pp.151-159.
- Parker, H.G., Kim, L.V., Sutter, N.B., Carlson, S., Lorentzen, T.D., Malek, T.B., Johnson, G.S., DeFrance, H.B., Ostrander, E.A. and Kruglyak, L., 2004.** Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science*, 304(5674), pp. 1160-1164.
- Parker, H.G., Kim, L.V., Sutter, N.B., Carlson, S., Lorentzen, T.D., Malek, T.B., Johnson, G.S., DeFrance, H.B., Ostrander, E.A. and Kruglyak, L., 2004.** Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science*, 304, pp. 1160–1164.
- Pellegrini, P., 1999.** De l'idée de race animale et de son évolution dans le milieu de l'élevage. *Sciences sociales et mondes ruraux contemporains*, 05, pp. 23-39.
- Pritchard, J.K., Stephens, M. and Donnelly, P., 2000.** Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), pp.945-959.
- R Core Team, 2023.** R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Available at: <https://www.R-project.org>.
- Reimers, T.J., Lawler, D.F., Sutaria, P.M., et al., 1990.** Effects of age, sex, and body size on serum concentrations of thyroid and adrenocortical hormones in dogs. *American Journal of Veterinary Research*, 51, pp.454-457.
- Revelle, W., 2023.** psych: Procedures for Psychological, Psychometric, and Personality Research. Northwestern University, Evanston, Illinois. R package version 2.3.9. Available at: <https://CRAN.R-project.org/package=psych>.
- Rodriguez, K.E., Greer, J., Yacilla, J.K., Beck, A.M. & O'Haire, M.E., 2020.** The effects of assistance dogs on psychosocial health and wellbeing: A systematic literature review. *PLoS ONE*, 15(12), p. e0243302.
- Rohlf, F. J. and Marcus, L. F., 1993.** A revolution in morphometrics. *Trends in Ecology & Evolution*, 8(4), pp. 129-132.
- Sala, O.E., Cramer, W., Huber-Sannwald, E., Leemans, R., Lavorel, S., Prentice, I.C., Reid, W.V., Resh, V.H., & Schneider, S.H., 2000.** Global biodiversity scenarios for the year 2100. *Science*, 287(5459), pp.1770-1774.

## **REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES**

---

- SAS Institute Inc., 1999.** The SAS system. Version 8. Cary, NC, USA.
- Scott, A. and Wild, C., 1991.** Transformations and  $R^2$ . *The American Statistician*, 45(2), pp. 127-129.
- Scott, D.W., Miller, W.H. and Griffin, C.E., 2001.** *Small Animal Dermatology*. 6th ed. Philadelphia, PA: WB Saunders, pp.851-865.
- Selkoe, K.A. & Toonen, R.J., 2006.** Microsatellites for ecologists: A practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecology Letters*, 9(5), pp. 615-629.
- Serpell, J., 1991.** Beneficial effects of pet ownership on some aspects of human health and behaviour. *Journal of the Royal Society of Medicine*, 84(12), pp.717-720.
- Serpell, J., 1996.** *In the Company of Animals: A Study of Human-Animal Relationships*. Cambridge University Press.
- Sites, J.W. and Marshall, J.C., 2004.** Operational criteria for delimiting species. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 35, pp.199-227.
- Slatkin, M., 1987.** Gene flow and the geographic structure of natural populations. *Science*, 236(4803), pp. 787-792.
- Smith, T.M. & Smith, R.L., 2012.** *Elements of Ecology*. Pearson, pp. 120-145.
- Stevenson, M., Sergeant, E. and Firestone, S., 2024.** epiR: Tools for the Analysis of Epidemiological Data. R package version 2.0.67. Available at: <https://CRAN.R-project.org/package=epiR>.
- Sutter, N.B., Bustamante, C.D., Chase, K., Gray, M.M., Zhao, K., Zhu, L., Padhukasahasram, B., Karlins, E., Davis, S., Jones, P.G., Quignon, P., Johnson, G.S., Parker, H.G., Fretwell, N., Mosher, D.S., Lawler, D.F., Satyaraj, E., Nordborg, M., Lark, K.G., Wayne, R.K. and Ostrander, E.A., 2007.** A single IGF1 allele is a major determinant of small size in dogs. *Science*, 316(5821), pp. 112-115.
- Sutter, N.B., Mosher, D.S., Gray, M.M. and Ostrander, E.A., 2008.** Morphometrics within dog breeds are highly reproducible and dispute Rensch's rule. *Mammalian Genome*, 19(10-12), pp.713-723.
- Sutter, N.B., Ostrander, E.A., 2004.** Dog star rising: The canine genetic system. *Nature Reviews Genetics*, 5(11), pp. 900-910.

## **REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES**

---

**Tajima, F., 1993.** Simple methods for testing the molecular evolutionary clock hypothesis. *Genome Research*, 3(4), pp. 277-289.

**Tautz, D., 1989.** Hypervariability of simple sequences as a general source of polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research*, 17(16), pp. 6463-6471.

**Thuller, M., Jangarelli, M., Couto, D. and Araújo, A., 2015.** Sexual dimorphism of Labrador retriever dogs by morphometry. *Bioscience Journal*, 31, pp.1475-1487.

**Tombak, K.J., Hex, S.B.S.W. and Rubenstein, D.I., 2024.** New estimates indicate that males are not larger than females in most mammal species. *Nature Communications*, 15(1), p. 1872.

**Traoré, A., Tamboura, H., Kaboré, A., Royo, L., Fernández, I., Álvarez, I., Sangaré, M., Bouchel, D., Poivey, J., Francois, D., Toguyeni, A., Sawadogo, L. and Goyache, F., 2008.** Multivariate analyses on morphological traits of goat in Burkina Faso. *Archiv für Tierzucht*, 6, pp.588-600.

**Urosevic, M., Drobnjak, D., Stojic, P. and Oğrak, Y.Z., 2020(b).** Morphometric characterization of the Akbaş (Akbash) Turkish Shepherd Dog. *Turkish Journal of Agriculture - Food Science and Technology*, 8(7), pp.1571-1576.

**Urosevic, M., Drobnjak, D., Stojic, P. and Oğrak, Y.Z., 2020b.** Morphometric characterization of the Akbaş (Akbash) Turkish shepherd dog. *Turkish Journal of Agriculture - Food Science and Technology*, 8(7), pp.1571-1576.

**Urosevic, M., Matejevic, M., Drobnjak, D. and Ozkanal, U., 2020(a).** Use of morphometric variables for differentiating breed variations in Turkish Tazi (Sighthound) population. *Pakistan Journal of Zoology*, 52, pp.1765-1770.

**Urosevic, M., Matejevic, M., Drobnjak, D. and Ozkanal, U., 2020a.** Use of morphometric variables for differentiating breed variations in Turkish Tazi (sighthound) population. *Pakistan Journal of Zoology*, 52, pp.1765-1770.

**Valdez, C.A. and Valencia, J.P.L., 2004.** Weight prediction in medium to large sized adult Philippine native dogs using external body measurements. *Philippine Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 30(1), pp. 161-169.

**van Bergen, M.A., Simons, G., van der Graaf-van Bloois, L., van Putten, J.P., Rombout, J., Wesley, I. & Wagenaar, J.A., 2005.** Amplified fragment length polymorphism-based

## ***REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES***

---

identification of genetic markers and novel PCR assay for differentiation of *Campylobacter fetus* subspecies. *Journal of Medical Microbiology*, 54(12), pp.1217-1224.

**Van Geffen, C., 2006.** Serum thyroid hormone concentrations and thyroglobulin autoantibodies in trained and non-trained healthy whippets. *The Veterinary Journal*, 172, pp.135-140.

**Venables, W.N. and Ripley, B.D., 2002.** *Modern Applied Statistics with S*. Fourth Edition. Springer, New York. ISBN 0-387-95457-0.

**Vilà, C., Savolainen, P., Maldonado, J.E., Amorim, I.R., Rice, J.E., Honeycutt, R.L., Crandall, K.A., Lundberg, J. and Wayne, R.K., 1997.** Multiple and ancient origins of the domestic dog. *Science*, 276(5319), pp. 1687-1689.

**von Klopmann, T., Boettcher, I.C., Rotermund, A., Rohn, K. and Tipold, A., 2006.** Euthyroid sick syndrome in dogs with idiopathic epilepsy before treatment with anticonvulsant drugs. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, 20(3), pp.516-522.

**Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., van de Lee, T., Hornes, M., Friters, A., Pot, J., Paleman, J., Kuiper, M., Zabeau, M., 1995.** AFLP: A new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*, 23(21), pp. 4407-4414.

**Wayne, R.K. and vonHoldt, B.M., 2016.** Evolutionary genomics of dog domestication. *BioEssays*, 38(2), pp.140-150.

**Weber, J.L. & Wong, C., 1993.** Mutation of human short tandem repeats. *Human Molecular Genetics*, 2(6), pp. 1123-1128.

**Welsh, J. & McClelland, M., 1990.** Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Research*, 18(24), pp. 7213-7218.

**Wickham, H., Averick, M., Bryan, J., Chang, W., McGowan, L.D., François, R., Grolemond, G., Hayes, A., Henry, L., Hester, J., Kuhn, M., Pedersen, T.L., Miller, E., Bache, S.M., Müller, K., Ooms, J., Robinson, D., Seidel, D.P., Spinu, V., Takahashi, K., Vaughan, D., Wilke, C., Woo, K. and Yutani, H., 2019.** Welcome to the tidyverse. *Journal of Open Source Software*, 4(43), p. 1686.

**Wickham, H., François, R., Henry, L., Müller, K. and Vaughan, D., 2023.** *dplyr: A Grammar of Data Manipulation*. R package version 1.1.3. Available at: <https://CRAN.R-project.org/package=dplyr>.

## **REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES**

---

**Willett, J.B. and Singer, J.D., 1988.** Another Cautionary Note about R<sup>2</sup>: Its Use in Weighted Least-Squares Regression Analysis. *The American Statistician*, 42(3), pp. 236-238.

**Williams, J.G.K., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A. & Tingey, S.V., 1990.** DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, 18(22), pp. 6531-6535.

**Wright, S., 1931.** Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, 16(2), pp. 97-159.

**Yilmaz, O. & Ertuğrul, M., 2011.** Some morphological characteristics of Turkish Tazi (Sight Tazi). *Journal of Animal and Plant Sciences*, 21, pp.794-799.

**Yilmaz, O., Cemal, I. and Karaca, O., 2013.** Estimation of mature live weight using some body measurements in Karya sheep. *Tropical Animal Health and Production*, 45, pp.397-403.

**Zhang, Y., Lan, H. and Shi, L., 1993.** Animal mitochondrial DNA polymorphism: a valuable tool for evolutionary studies. *Cell Research*, 3, pp.113-119.

### **Références électroniques**

[https://fr.wikipedia.org/wiki/L%C3%A9vrier\\_greyhound#/media/Fichier:GraceTheGreyhound.jpg](https://fr.wikipedia.org/wiki/L%C3%A9vrier_greyhound#/media/Fichier:GraceTheGreyhound.jpg)

[https://fr.wikipedia.org/wiki/L%C3%A9vrier\\_espagnol#/media/Fichier:Galgo\\_espagnol\\_Hembra.jpg](https://fr.wikipedia.org/wiki/L%C3%A9vrier_espagnol#/media/Fichier:Galgo_espagnol_Hembra.jpg)

<https://www.fci.be/Nomenclature/Standards/015g01-fr.pdf>

<https://www.fci.be/Nomenclature/Standards/158g10-fr.pdf>

<https://www.fci.be/Nomenclature/Standards/285g10-fr.pdf>



# ***ANNEXES***

---

## Annexe 1 : Protocole d'extraction de l'ADN par la technique de NaCl « Salting-out »

### Méthode d'extraction

L'extraction de l'ADN est l'étape primordiale pour toute étude de biologie moléculaire, cet ADN extrait est un mélange d'ADN nucléaire et d'ADN mitochondrial (cas des animaux) dont l'origine pourrait être des tissus, des liquides biologiques ou des follicules pileux. Dans notre cas, l'extraction de l'ADN a été faite à partir du tissu sanguin par la méthode NaCl (Annexe 1) appelée aussi « Salting-out » (Miller et al., 1988) dans le but de constituer une bibliothèque d'ADN afin de réaliser une caractérisation génétique des populations de Sloughi en Algérie. L'ADN obtenu a été stocké à -20°C.

Cette manipulation a été réalisée au niveau du laboratoire de Physiopathologie et biochimie de la nutrition (PpaBioNut) de l'université de Tlemcen.

### Principe

Pour extraire l'ADN du sang à l'aide de la technique de NaCl, il est nécessaire de commencer par lyser les globules rouges à l'aide d'une solution hypotonique, puis de leur faire subir un choc thermique dans la glace afin de les éliminer. Par la suite, les lymphocytes sont lysés pour que l'ADN soit libéré. Par la suite, l'ADN sera soumis à un traitement par la protéase K qui éliminera toutes les protéines qui lui sont associées. Finalement, on dissoudra l'ADN pur dans un tampon approprié.

### Étapes de l'extraction de l'ADN

L'extraction nécessite le passage par les étapes suivantes :

#### a. Lyse des globules rouges :

Le tampon TE10/10 (Tris/HCL 10mM, EDTA 10mM, pH =8) est ajusté dans un tube Falcon contenant 15 ml de sang total jusqu'à atteindre un volume final de 30 ml. Une fois que le tube a été délicatement homogénéisé, il est placé dans la glace pendant une durée de 30 minutes (ce qui entraînera un choc thermique qui affaiblira les membranes des globules rouges). De cette manière, la solution hypotonique du (TE) entraînera leur éclatement. Ensuite, on procède à une centrifugation à 2500 tours/min pendant 15 minutes, où on élimine le surnageant et on suspend le culot obtenu dans 30ml de TE. Afin d'éliminer au maximum les globules rouges et d'obtenir un culot blanchâtre qui correspond aux globules blancs, plusieurs lavages sont effectués.

**b. Lyse des globules blancs :**

En ajoutant 1500  $\mu\text{L}$  de solution de lyse (SLB : Tris/Hcl 10mM, EDTA 0.1M, SDS 0.5%, pH=8), on obtient un culot de lymphocytes. Cette solution contient du SDS (Sodium Dodécyl Sulfate) qui a pour fonction de dissoudre les lipides des membranes plasmiques pour les décomposer, inhiber les nucléases et dénaturer les protéines. Après avoir agité rapidement ce culot, on ajoute 25  $\mu\text{L}$  de protéinase K à 20 mg/ml pour qu'elle digère toutes les protéines liées à l'ADN.

**c. Précipitation de l'ADN :**

Après avoir retiré le tube du bain-marie, on ajoute 500  $\mu\text{L}$  de solution Nacl 5M à celui-ci. La séparation de deux phases sera possible : une phase contenant de l'ADN et une phase contenant les débris membranaires des globules blancs.

Après leur entraînement vers le fond du tube, de nombreuses protéines indésirables (PK+ Débris cellulaires) sont éliminées de la solution. Une fois que l'agitation est intense et qu'une centrifugation à 4000tours/mn a été effectuée pendant 15 minutes (pour séparer les deux phases), le surnageant résultant est transféré dans un autre tube en évitant de décoller le culot. Le tube est rempli de deux volumes d'éthanol absolu froid, différents de celui qui est surnageant.

Il est observé que la solution devient blanchâtre dès l'ajout de l'éthanol et que l'ADN commence à se précipiter (l'éthanol condense l'ADN). Une fois que l'ADN est légèrement agité, il se forme en filaments qui se regroupent rapidement en une masse blanchâtre visible à l'œil nu, connue sous le nom de méduse. Elle sera ensuite récupérée dans un tube Eppendorf stérile, puis lavée à 70% et 100% d'éthanol froid et séchée. Ensuite, la méduse est dissoute dans un tampon TE 10/1 de 200 à 500  $\mu\text{L}$  (Tris/Hcl : 10mM ; EDTA : 1mM ; pH = 8.0), en fonction de la taille de la méduse. Finalement, une petite agitation à température ambiante pendant au moins 24 heures permettra d'obtenir un ADN entièrement dissout prêt à être utilisé (dosage, PCR...).

**Les solutions utilisées ont été préparée comme suit :**

**1- Préparation de 1L de TE10/10 :**

-10ml tris-HCl (1M, pH=8)

-20ml EDTA (0.5M, pH=8)

-Qsp eau distillée.

**2- Préparation de 1L de TE10/1 :**

-10ml tris-HCl (1M, pH=8)

-2 ml EDTA (0.5M, pH=8)

-Qsp eau distillée.

**3- Préparation de la solution de lyse (100ml) :**

-1ml tris-HCl (1M, pH=8)

-20ml EDTA (0.5M, pH=8)

-5ml SDS (10%)

-qsp eau distillée.

**4- Préparation de NaCl (5M) :**

- Pour 5M: 292,25 g → 1000 ml eau distillé.

**5- Préparation de EDTA (0,5 M ; pH=8) :**

- Faire dissoudre 93,06g d'EDTA dans 400ml d'eau distillée puis ajuster jusqu'au 500ml, et avec du NaOH (5M) règle le pH à 8.

**6- Préparation de TRIS HCl (pH= 8) :**

-121,14 g pour 1L

-Equilibrer avec Hcl pour pH = 8.

## Annexe 2 : Protocole d'extraction de l'ADN par le kit WIRAGEN

(PDF Téléchargé du site officiel)

# WiraSpin® Blood DNA Purification Kit

Ref : EA04

The WiraSpin® Human Blood DNA purification Kit provides a simple and convenient method for isolating high-quality genomic DNA using Wira silica-based column technology. The kit is optimized for use with fresh or frozen blood samples ranging from 50 µL up to 200 µL in volume. It can be used with anticoagulated blood, dried blood spot, buccal swabs, saliva, serum, and leukocyte layer. The isolated DNA is suitable for PCR, qPCR, Southern Blot, enzymatic digestion, and sequencing applications.

### Kit content

Components	20 rx	50 rx
Binding Buffer 4 (BB4)	4 ml	10 ml
Inhibitor Clean Buffer 4 (ICB4)	7 ml	15 ml
Wash Buffer 4 (WB4)	5 ml	10 ml
Elution Buffer 4 (EB4)	2 ml	5 ml
Lyophilized Proteinase K	10 mg	20 mg
Genomic Spin Columns with Collection Tubes	20	50

**NB :** Add 3.5 ml of ddH<sub>2</sub>O to the Proteinase K and store at -20°C .

### Operating Mode :

Before starting, add the specified volume of absolute ethanol to solutions ICB4 and WB4.

Components	20 rx	50 rx
Inhibitor Clean Buffer 4 (ICB4)	4,2 ml	9 ml
Wash Buffer 4 (WB4) per tube	20 ml	40 ml

All centrifugation steps are performed at room temperature.

Three specific protocols are delineated for the extraction of DNA, Including : **A- Whole Blood, Saliva,**

**Serum; B- Buccal swab; and C- Dried Blood spot.** Common washing procedures are shared across all extraction methodologies.

- Protocols B and C require an additional volume of Binding Buffer (BB4). Supplementary BL Buffer can be purchased separately.

### A- Whole Blood, Saliva, Serum :

1. Place from 50 ml to 200 ml sample (Whole Blood, saliva, serum...) in a 1,5 mL

microcentrifuge tube.

2. Add 40  $\mu$ L of proteinase K (20 mg/ml) and 200  $\mu$ L of Binding Buffer 4 (BB4) (for higher yield, preheat the buffer to 60 °C). Vortex for 15 seconds, then incubate at 70 °C for 10 minutes (note : if working with Whole Blood, incubate at 56 °C for 15 minutes).
3. Add 100  $\mu$ L of Isopropanol, mix well, then transfer all lysate into the spin column silica. Centrifuge at 8000 $\times$  g for 1 minute, then discard the filtrate.

### **B- Buccal swab :**

1. Place The buccal swab into a nuclease-free 1,5 mL microcentrifuge tube and cut it at the tube level. Add 500  $\mu$ L PBS. Add 25  $\mu$ L Proteinase K Solution and 400  $\mu$ L Binding buffer 4 (BB4) to the microcentrifuge tube containing the buccal swab. Vortex the tube at maximum speed for 30 seconds. Incubate the tube at 65°C for 10 minutes. Discard the buccal swab.
2. Add 500  $\mu$ L 100% ethanol to the tube. Vortex the tube at maximum speed for 20 seconds. Centrifuge briefly to collect any drops from the inside of the lid. Insert the spin column silica into a 2 mL Collection Tube. Transfer 750  $\mu$ L of the mixture to the column. Centrifuge at 10,000g for 1 minute, discard the filtrate and reuse the collection tube.
3. Transfer the entire remaining mixture to the spin column silica. Centrifuge at  $\geq$ 10,000g for 1 minute. Discard the filtrate. Insert the spin column silica into a new 2 mL Collection Tube.

### **C- Dried Blood spot :**

1. Cut or punch-out the blood spot from the filter paper (up to 200  $\mu$ L blood can be used per spot). Tear or cut the filter paper into small pieces and place them into a 1,5 mL microcentrifuge tube. Add 250  $\mu$ L PBS. Incubate at 65°C for 1 hour. Vortex briefly every 20 minutes, add 25  $\mu$ L Proteinase K Solution. Vortex at maximum speed for 15 seconds. Incubate at 65°C for 30 minutes. Vortex briefly several times during incubation. Centrifuge at  $\geq$ 13,000g for 5 minutes, transfer the supernatant to a 1,5 mL microcentrifuge tube. Add 1 volume of Binding Buffer (BB4) and 1 volume 100% ethanol. Vortex to mix thoroughly. Centrifuge briefly to collect any drops from the inside of the lid.
2. Insert a spin column silica into a 2 mL Collection Tube, transfer the entire sample to the column, centrifuge at  $\geq$ 10,000g for 1 minute. Discard the filtrate, insert the spin column silica a new 2 mL Collection Tube.

### **Washing steps**

3. Add 500  $\mu$ L of Inhibitor Clean Buffer 4 (ICB4) (ensure ethanol has been added), centrifuge the column at 8000  $\times$  g for 1 minute, then discard the filtrate.
4. Add 500  $\mu$ L of Wash Buffer 4 (WB4) (ensure ethanol has been added), centrifuge the column at 8000  $\times$  g for 1 minute, then discard the filtrate.
5. Repeat step 5 once.
6. Centrifuge the empty spin column at 13,000  $\times$  g for 10 seconds to remove any residual wash buffer. Air-dry the spin column at room temperature for several minutes.
7. Place the spin column in a clean 1.5 ml tube.
8. Add 30 to 100  $\mu$ L of Elution Buffer 4 (EB4) directly into the center of the column (for higher yield, preheat the buffer to 70°C), let it sit at room temperature for 1 minute.
9. Centrifuge at 8000  $\times$  g 1 minute to elute the DNA. For long-term storage, store the DNA solution at 20°C.

### **Remarks:**

- It is important not to overload the column, as this can result in significantly lower yields than expected.
- If you notice that the centrifugation spin column is overloaded, please repeat the centrifugation process.

- Use fresh materials and avoid repeated thawing/freezing cycles.
- Use sterile tubes and pipette tips to prevent RNase contamination.

## Résumé

Le présent travail vise à étudier le profil morphométrique et à déterminer des modèles mathématiques qui seront utilisés pour l'estimation du poids vif des chiens en fonction de certaines mesures corporelles, en utilisant un modèle de régression multiple, dans une race patrimoniale menacée, à savoir le chien Sloughi algérien, élevé dans trois régions géographiques différentes de l'Algérie. Le matériel animal de l'étude se composait de 105 chiens Sloughi, dont 30 individus provenant de la région Est, 35 de la région Centre et 40 de la région Ouest. Les moyennes pour la hauteur au garrot, la hauteur à la croupe, la longueur de la tête, la largeur de la tête, la longueur du museau, la longueur des oreilles, la longueur de la nuque, la longueur du corps, la longueur de la queue, la circonférence du museau, la circonférence de la tête, la circonférence thoracique, la circonférence abdominale, la circonférence de la cuisse, la circonférence de l'avant-bras et la circonférence du poignet ont été utilisées comme mesures corporelles. Les moyennes pour l'Indice de Masse, l'Indice de Format, l'Indice Céphalique, l'Indice Corps-Queue, l'Indice Osseux, l'Indice Tête-Museau, l'Indice de profil, l'Indice Tête-Nuque, l'Indice Oreille- Longueur de la Tête, et l'Indice Oreille- Largeur de la Tête ont été calculées en utilisant les mesures corporelles. Parmi les modèles de régression multiple formés, les plus élevés coefficients de détermination ( $R^2$ ) ont été obtenus à partir des modèles formés de la hauteur au garrot, de la hauteur au garrot et de la circonférence de la cuisse ou de la hauteur au garrot, de la circonférence de la cuisse et de la circonférence de la poitrine ensemble ( $R^2 = 0.70$ ,  $R^2 = 0.79$  et  $R^2 = 0.86$  respectivement). Le modèle avec un  $R^2 = 0.86$  avait le plus haut coefficient de corrélation de concordance ( $CCC = 0.938$ ). Cette étude a conclu que le poids vif de la race de chien Sloughi algérien pourrait être estimé avec une bonne précision chez certains groupes de chiens en utilisant certaines mesures corporelles et des méthodes statistiques.

**Mots clés :** Algérie, caractérisation morphométrique, chien, Modèle statistique, régression, Sloughi.

## Abstract

This study aims to examine the morphometric profile and determine mathematical models that will be used to estimate the live weight of dogs based on certain body measurements, using a multiple regression model, in a threatened heritage breed, namely the Algerian Sloughi dog, raised in three different geographical regions of Algeria. The animal material for the study consisted of 105 Sloughi dogs, with 30 individuals from the East region, 35 from the Central region, and 40 from the West region. Averages for withers height, croup height, head length, head width, muzzle length, ear length, neck length, body length, tail length, muzzle circumference, head circumference, chest circumference, abdominal circumference, thigh circumference, forearm circumference, and wrist circumference were used as body measurements. Averages for the Mass Index, Format Index, Cephalic Index, Body-Tail Index, Bony Index, Head-Muzzle Index, Profile Index, Head-Neck Index, Ear-Head Length Index, and Ear-Head Width Index were calculated using these body measurements. Among the multiple regression models formed, the highest coefficients of determination ( $R^2$ ) were obtained from models based on withers height, withers height and thigh circumference, or withers height, thigh circumference, and chest circumference together ( $R^2 = 0.70$ ,  $R^2 = 0.79$ , and  $R^2 = 0.86$ , respectively). The model with an  $R^2 = 0.86$  had the highest concordance correlation coefficient ( $CCC = 0.938$ ). This study concluded that the live weight of the Algerian Sloughi dog breed could be estimated with good accuracy in certain groups of dogs using specific body measurements and statistical methods.

**Keywords:** Algeria, morphometric characterization, dog, statistical model, regression, Sloughi.

## ملخص

يهدف هذا العمل إلى دراسة الجانب المورفومتري وتحديد النماذج الرياضية التي ستستخدم لتقدير الوزن الحي للكلاب استنادًا إلى بعض القياسات الجسدية، باستخدام نموذج الانحدار المتعدد، وذلك في سلالة تراثية مهددة بالانقراض، وهي الكلب السلوقي الجزائري، الذي يتم تربيته في ثلاث مناطق جغرافية مختلفة في الجزائر. شمل العينة الحيوانية للدراسة 105 كلب سلوقي، منها 30 فردًا من منطقة الشرق، و35 من المنطقة الوسطى، و40 من المنطقة الغربية. تم استخدام المتوسطات لقياسات مثل ارتفاع الكتف، ارتفاع القصر، طول الرأس، عرض الرأس، طول الكمامة، طول الأذنين، طول الرقبة، طول الجسم، طول الذيل، محيط الكمامة، محيط الرأس، محيط الصدر، محيط البطن، محيط الفخذ، محيط الساعد، ومحيط الرسغ كقياسات جسدية. تم حساب المتوسطات لمؤشر الكتلة، مؤشر الصيغة، مؤشر الرأس، مؤشر الجسم-الذيل، مؤشر العظام، مؤشر الرأس-الكمامة، مؤشر الجانب، مؤشر الرأس-الرقبة، مؤشر طول الرأس-الأذن، ومؤشر عرض الرأس-الأذن باستخدام القياسات الجسدية. من بين نماذج الانحدار المتعدد التي تم تشكيلها تم الحصول على أعلى معاملات التحديد ( $R^2$ ) من النماذج المعتمدة على ارتفاع الكتف، ارتفاع الكتف ومحيط الفخذ، أو ارتفاع الكتف، محيط الفخذ، ومحيط الصدر معًا ( $R^2 = 0.70$ ،  $R^2 = 0.79$ ،  $R^2 = 0.86$  على التوالي). وكان النموذج الذي حصل على  $R^2 = 0.86$  لديه أعلى معامل لتوافق الارتباط ( $R = 0.938$ ). وقد خلصت هذه الدراسة إلى أنه يمكن تقدير الوزن الحي لسلالة كلاب السلوقي الجزائري بدقة جيدة في مجموعات معينة من الكلاب باستخدام قياسات جسم محددة وطرق إحصائية.

**الكلمات المفتاحية:** الجزائر، التوصيف المورفومتري، الكلب، النموذج الإحصائي، الانحدار، السلوقي.