

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



UNIVERSITE ABOU BEKR BELKAID DE TLEMCE

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

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

Filière : Sciences Biologiques

Département : Biologie

Thèse de Doctorat

Présentée par : **HADDADI Imane**

En vue de l'obtention du **Diplôme de Doctorat 3ème cycle Spécialité :** Génétique Appliquée

Thème :

**Typologie et caractérisation morphométrique et génétique
de quelques races ovines algériennes**

Soutenu publiquement le : 05/11/2025 devant le jury composé de :

Qualité	Nom	Grade	Université
Président :	MOUKHTARI SOULIMANE. N	Prof.	Univ. Tlemcen
Encadrant :	DJAOUT. A	MRA.	INRAA. Sétif.
Examineur 1 :	GAOUAR. S.B.S	Prof.	Univ. Tlemcen
Examineur 2 :	TEFIEL. H	MCA	Univ. Tissemsilet
Examineur 3 :	CHAHBAR. M	MCA	Univ. Tissemsilet

Année universitaire 2025-2026

Remerciements

بسم الله الرحمن الرحيم « وما توفيقي إلا بالله عليه توكلت وإليه أنيب » (سورة هود الآية 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 madame **DJAOUT Amal** (maitre de recherche A) la directrice 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 :

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

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

*Je tiens à adresser mes remerciements les plus sincères à mes meilleures collègues de tout mon cursus, **HADDAM Hadi Youssouf**, **DICH Samira** et **Ibtissem**, des personnes dont les mots ne suffisent pas pour décrire à quel point leur aide était importante, Merci à vous et que DIEU vous bénisse pour tout ce que vous allez faire pour moi.*

*J'adresse aussi mes remerciements les plus chaleureux à Madame **BELHARFI Fatima Zohra** qui a contribué à la réussite de ce travail, je remercie le bon DIEU d'avoir bien fait les choses et je te remercie aussi pour ta grande générosité, Que DIEU te bénisse **Fatima**.*

*Je remercie les équipes de l'institut « **L'INRAA** » de Béjaïa, ainsi l'équipe de « **CNIAAG** » d'Ain Safraa-Naama et l'équipe de « **ITDAS** » de Biskra de leur accueil.*

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

Un grand merci à toute l'équipe du laboratoire de génétique appliquée en agriculture, écologie et santé publique GenApAgIE, ainsi qu'à tous mes amis Docteurs et Doctorants de l'Université.

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

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

A toutes et tous, un grand merci !

Dédicace

Je dédie ce modeste travail à :

Mes parents sans eux rien ne serait possible,

Ma sœur et mon frère qui sont toujours à côté de moi dans les moments difficiles.

Mes grands-parents pour leurs prières pour me soutenir.

Mon époux pour ses efforts, son aide, et sa patience pour la réalisation de ce travail.

Ma belle-famille pour votre amour, soutien, encouragement, sollicitude et votre intérêt.

A ma famille, à mes proches et à ceux qui me donnent de l'amour et de la vivacité

A tous ceux que j'aime Merci !

Résumé

L'étude menée sur sept races ovines algériennes (Hamra, Rembi, Tazegzawt, Ouled Djellal, D'man, Sidaoun et Ifilene), issues de régions contrastées comme Naâma, Tiaret, Béjaïa, Ouled Djellal, Biskra et Adrar, combine une enquête typologique auprès de 23 éleveurs (78 % privés, 22 % étatiques) et une analyse morphométrique approfondie portant sur 333 individus décrits par 17 mesures quantitatives. Les élevages sont majoritairement constitués de 50 à 200 têtes (43 %), avec 65 % de races pures et un accès vétérinaire assuré pour 74 % des exploitants, bien que seulement 22 % pratiquent la sélection génétique et 74 % utilisent leurs propres mâles, augmentant les risques de consanguinité. L'accueil des éleveurs a été jugé facile dans 70 % des cas, et les systèmes de production sont dominés par le semi-intensif. De plus, le test du Khi-deux montre que seuls le statut de l'éleveur ($p = 0,043$) et son niveau d'expérience ($p = 0,006$) influencent significativement le type de système d'élevage adopté, soulignant ainsi l'importance déterminante des pratiques humaines dans la structuration phénotypique observée. Les analyses statistiques (ANOVA, PCA, CAH, corrélations) mettent en évidence une variabilité morphologique très hautement significative entre les races ($p < 0,001$), fortement influencée par les contextes géographiques et climatiques. La race Ouled Djellal présente les mensurations les plus élevées (HW = $84,32 \pm 6,01$ cm ; PT = $107,81 \pm 8,21$ cm ; CA = $129,25 \pm 13,07$ cm), tandis que Hamra et Sidaoun montrent les valeurs les plus faibles (ex. HW = $63,79 \pm 5,32$ cm pour Hamra). Les indices corporels confirment ces contrastes morphologiques ; l'indice céphalique révèle une tête plus longue et plus large chez Ouled Djellal, tandis que Hamra et Sidaoun présentent l'indice le plus bas, traduisant une petite tête proportionnelle, l'indice thoracique montrent une poitrine et un bassin plus développés chez Ouled Djellal et D'man, opposés aux valeurs réduites de Hamra et Sidaoun, l'indice corporel distinguent des morphotypes oblongs chez Hamra, Rembi et Tazegzawt, et des morphotypes plutôt carrés chez Ouled Djellal, Sidaoun, D'man et Ifilene, L'indice pelvien et l'indice d'épaule montrent une meilleure ouverture pelvienne et scapulaire chez Ouled Djellal, confirmant son aptitude bouchère, Enfin, les indices d'épaisseur soulignent la masse corporelle supérieure d'Ouled Djellal et de D'man, contre une finesse marquée chez Hamra, Sidaoun et Ifilene ; L'Analyse en Composantes Principales (ACP) rend compte de 73,5 % de la variabilité totale, révélant une séparation claire des races en fonction de leur taille, de leur format corporel et de leurs proportions morphologiques. La classification hiérarchique met en évidence sept groupes distincts et cohérents, fortement différenciés principalement par la race et par la hauteur de poitrine, cette dernière présentant une contribution particulièrement élevée ($\eta^2 = 0,798$). Par ailleurs, l'indice de diversité de Shannon ($H' = 0,84$) indique une diversité morphologique élevée, avec un maximum observé chez la race D'man et un minimum chez Ifilene, ce qui reflète une faible pression de sélection et l'existence d'un mélange génétique non négligeable au sein des populations.

Mots clés : Algérie ; typologie d'élevage ; morphométrie ; races ovines ; diversité phénotypique.

Abstract

The study conducted on seven Algerian sheep breeds (Hamra, Rembi, Tazegzawt, Ouled Djellal, D'man, Sidaoun, and Ifilene), from contrasting regions such as Naâma, Tiaret, Béjaïa, Ouled Djellal, Biskra, and Adrar, combines a typological survey with 23 breeders (78% private, 22% state-owned) and an in-depth morphometric analysis involving 333 individuals described by 17 quantitative measurements. The farms mostly consist of 50 to 200 heads (43%), with 65% pure breeds and veterinary access ensured for 74% of the farmers, although only 22% practice genetic selection and 74% use their own males, increasing the risk of inbreeding. The reception of the breeders was deemed easy in 70% of the cases, and the production systems are dominated by semi-intensive. Moreover, the Chi-square test shows that only the farmer's status ($p = 0.043$) and their level of experience ($p = 0.006$) significantly influence the type of farming system adopted, thus highlighting the decisive importance of human practices in the observed phenotypic structuring. Statistical analyzes (ANOVA, PCA, CAH, correlations) highlight a very highly significant morphological variability between the breeds ($p < 0.001$), strongly influenced by geographical and climatic contexts. The Ouled Djellal breed exhibits the highest measurements (HW = 84.32 ± 6.01 cm; PT = 107.81 ± 8.21 cm; CA = 129.25 ± 13.07 cm), while Hamra and Sidaoun show the lowest values (e.g., HW = 63.79 ± 5.32 cm for Hamra). The body indices confirm these morphological contrasts; the cephalic index reveals a longer and wider head in Ouled Djellal, while Hamra and Sidaoun show the lowest index, indicating a small, proportional head, the thoracic index shows a more developed chest and pelvis in Ouled Djellal and D'man, in contrast to the reduced values of Hamra and Sidaoun, the body index distinguishes oblong morphotypes in Hamra, Rembi, and Tazegzawt, and rather square morphotypes in Ouled Djellal, Sidaoun, D'man, and Ifilene, The pelvic index and shoulder index show better pelvic and scapular openings in Ouled Djellal, confirming its butchering aptitude, Finally, the thickness indices highlight the superior body mass of Ouled Djellal and D'man, as opposed to the marked slenderness of Hamra, Sidaoun, and Ifilene; Principal Component Analysis (PCA) accounts for 73.5% of the total variability, revealing a clear separation of the breeds based on their size, body shape, and morphological proportions. The hierarchical classification highlights seven distinct and coherent groups, strongly differentiated primarily by race and chest height, the latter exhibiting a particularly high contribution ($\eta^2 = 0.798$). Moreover, the Shannon diversity index ($H' = 0.84$) indicates high morphological diversity, with a maximum observed in the D'man breed and a minimum in Ifilene, reflecting low selection pressure and the existence of a significant genetic mix within the populations.

Keywords: Algeria; livestock typology; morphometry; sheep breeds; phenotypic diversity.

الملخص

الدراسة التي أجريت على سبع سلالات من الأغنام الجزائرية (حمراء، ربي، تازقزوت، أولاد جلال، دمان، سداون وإيفيلين)، المستمدة من مناطق متباينة مثل نعامة، تيارت، بجاية، أولاد جلال، بسكرة وأدرار، تجمع بين تحقيق نمطي مع 23 مربياً (78% خاص، 22% حكومي) وتحليل مورفومتري متعمق يشمل 333 فرداً موصوفاً بـ 17 قياساً كمياً. تشكل المزارع في الغالب من 50 إلى 200 رأس (43%)، مع 65% من السلالات النقية ووصول بيطري مضمون لـ 74% من المربين، على الرغم من أن 22% فقط يمارسون الانتقاء الجيني و74% يستخدمون ذكورهم الخاصة، مما يزيد من مخاطر التزاوج الداخلي. تم تقييم استقبال المربين على أنه سهل في 70% من الحالات، وتسيطر الأنظمة الإنتاجية شبه المكثفة. علاوة على ذلك، يُظهر اختبار كاي-تربيع أن حالة المربي ($p = 0,043$) ومستوى خبرته ($p = 0,006$) هما العاملان الوحيدان اللذان يؤثران بشكل كبير على نوع نظام التربية المتبنى، مما يبرز الأهمية الحاسمة للممارسات البشرية في الهيكلة الظاهرية الملحوظة. تُظهر التحليلات الإحصائية (ANOVA)، PCA، CAH، الارتباطات (تبايناً مورفولوجياً ذا دلالة عالية جداً بين السلالات ($p < 0.001$))، متأثراً بشكل كبير بالسياقات الجغرافية والمناخية. تتميز سلالة أولاد جلال بأعلى القياسات ($HW = 84,32 \pm 6,01$ سم؛ $PT = 107,81 \pm 8,21$ سم؛ $CA = 129,25 \pm 13,07$ سم)، بينما تظهر سلالتنا حمراء وسيدون القيم الأدنى (مثل $HW = 63,79 \pm 5,32$ سم لسلالة حمراء). تؤكد المؤشرات الجسدية هذه التباينات الشكلية؛ يكشف المؤشر القحفي عن رأس أطول وأعرض لدى أولاد جلال، بينما تظهر حمراء وسيدون المؤشر الأدنى، مما يعكس رأساً صغيراً نسبياً. مؤشر الصدر يظهر صدرًا وحوصًا أكثر تطورًا لدى أولاد جلال ودمن، مقابل القيم المنخفضة لدى حمراء وسيدون. يميز المؤشر الجسدي بين الأنماط الجسمية المستطيلة لدى حمراء، ربي، وتازغزوت، والأنماط الجسمية المربعة إلى حد ما لدى أولاد جلال، سيداون، دمن، وإفيلين. يشير المؤشر الحوضي ومؤشر الكتف إلى فتح أفضل للحوض والكتف لدى أولاد جلال، مما يؤكد ملاءمته للذبح. أخيرًا، تبرز مؤشرات السمك الكتلة الجسدية الأعلى لأولاد جلال ودمان، مقابل رقة ملحوظة لدى حمراء، سداون وإيفيلين؛ تُظهر تحليل المكونات الرئيسية 73.5% (ACP) من التباين الكلي، مما يكشف عن فصل واضح بين السلالات بناءً على حجمها، وشكلها الجسدي ونسبها المورفولوجية. تُبرز التصنيف الهرمي سبع مجموعات متميزة ومتسقة، تختلف بشكل كبير أساساً حسب السلالة وارتفاع الصدر، حيث تُظهر الأخيرة مساهمة مرتفعة بشكل خاص ($\eta^2 = 0,798$). علاوة على ذلك، يشير مؤشر تنوع شانون ($H' = 0.84$) إلى تنوع مورفولوجي مرتفع، مع أقصى قيمة تم ملاحظتها في سلالة دمن وأدنى قيمة في إيفيلين، مما يعكس ضغط اختيار منخفض ووجود خليط جيني غير قابل للإهمال داخل السكان

الكلمات المفتاحية: الجزائر؛ تصنيف التربية؛ القياسات المورفومترية؛ سلالات الأغنام؛ التنوع الظاهري

Productions scientifiques

Publications internationales :

- ✚ **Haddadi Imane**, Djaout Amal, Dich Samira, Dich Ibtissem, Haddam Hadi Youssouf, Belharfi Fatima Zohra, Tabet-Aoul Nacéra, Gaouar Semir Bechir Suheil (2024) ; Diversity and Morphological Characterization of New Algerian Sheep Breeds (Among Others): Insights from Phenotypic Analysis. Brazilian Journal of Animal and Environmental Research.
- ✚ **Mettre en place des programmes de génomique et de bio-informatique à la base pour former 400 Africains par an (2024)**. Abdoallah Charaf, Chanceux Tendani Nesengani ;Ichrak Hayah, Josias OchiengKuja, Sinebongo Mdyogolo, Taiwo Cross par Omotoriogun, Bénédiction A. Odogwu,Girish Beedessee, Rae Marvin Smith, Abdelhamid Barakat, Acclamations M Moila, Adil ElHamouchi, Autre BenKahla, Amal Boukteb, Amine Elmouhtadi ;Antoine LusalaMafwila, Asmaa M. Abushady, Assemblée K Elshérif, Bulbul Ahmed , CharlesWairuri ; Charlotte C Ndiribe , Chukwuike Ebuzome ; Craig J Kinnear, Déborah-FayNdlovu , Driss irakien, Elmostafa El Fahime Ermias Assefa, Faissal Ouardi , Fátima Zohra Belharfi , Fatimzohra Tmimi , Fatu Badiane Markey ; Fouzia Radouani ,Francis Zeukeng , Georges Lelo Mvumbi , Hamilton Ganesan , Hanachi Mariem ,Hélène Nigussie, Hicham Charoute, Ichrak Benamri, Ikram Mkedder, **Imane Haddadi**, Issam Meftah-Kadmiri , Jackson Franco Mubiru, Jean Baka KodjoDomelevo Entfellner ;Joan Bayowa Rokani , Joël Ogowang , Jude Bigoga Daiga ,Judy Omumbo ;Justin Eze Ideozu, Khaoula Errafii , Kim Labuschagne , KomisKoukoura Komis, Liberté Brice Tonfack ; Lydia Hadjeras ; Madeleine Ramantswana ,Chaisi Mamohale ;Marietjie W Botes, Mariëtte Kilian, Marija Kvas, MarouaneMelloul, Mélèke Chaouch, Meriem Khyatti , Michel Abdo, MmatshephoPhasha- Muchemenye, Mohamed Hijri ; Mohammed Rida Mediouni, MohammedAhmed Hassan ; Mohammed Piro, Monica Mwale, Mossab Maaloum, MudzuliMavhunga, Nicolas Abraham Olivier, Oumaima Aminou, Oumayma Arbanis,Oussema Souiai, Pierre François Djocgoué ;Rachid Mentag, Renate DorotheeZipfel, Rolland Bantar Tata, Rosette Megnekou, Sadik Muzemil, Sadye Paez,Samson Pandam Salifu, Samuel Paul Kagame, Sarra Selka, Sean Edwards,Semir Bechir Suheil Gaouar, Shaimaa R Reda, Siham Fellahi ;Slimane Khayi,Soumia Ayed, Thabang Madisha, Tulsi Sahil, Ogbuagu Ugorji Udensi, VèrèneRas, Victor Ezebuio, Vincent C. Duru, Xavier David, Yonas Geberemichael,Yves H Tchiechoua, Zahra Mungloo-Dilmohamud, Zhiliang Chen, Christian Happi,Thomas Kariuki, Catherine Ziyomo, Apollinaire Djikeng, Julian O. Osuji ; Bouabid Badaoui, Mapholi de Ntanganedzeni, Anne Muigai, thankgod EchezonaÉbenezer (PDF) *Mise en place de programmes africains de génomique et de bioinformatique à travers des ateliers régionaux annuels*. Available from: https://www.researchgate.net/publication/382085780_Establishing_African_genomics_and_bioinformatics_programs_through_annual_regional_workshops#fullTextFileContent [accessed Dec 24 2024].Article de l'Open Institute for Genomics and Bioinformatics du Projet Africain BioGenome (AfricaBP)

Communications internationales :

- ✚ **Haddadi Imane**, AMEUR AMEUR Abdelkader ; DICH Samira ; BELHARFI Fatima Zahra ; DJAOUT Amel ; HEDDAM Hadi Youssouf ; GAOUAR Semir Bechir Suheil ; Typologie et caractérisation morphométrique et génétique par des outils moléculaires de quelques races ovines Algérienne ; In the 9th International Seminar MGIBR of « BIODIVERSITY : Food Security & Health » That was held in April 20-21-22, 2024 University of Tlemcen, , Algeria
- ✚ **Haddadi Imane**, Dich Samira, Belharfi Fatima Zohra, Djaout Amal, Haddam Hadi Youssouf, Gaouar Semir Bechir Suheil ; Caractérisation morphométrique et étude des indices zootechniques de quelques races ovines algériennes ; In the 9th International Seminar MGIBR of « BIODIVERSITY : Food Security & Health » That was held in April 20-21-22, 2024 University of Tlemcen, , Algeria

Communications nationales :

- ✚ **Haddadi Imane**, AMEUR AMEUR Abdelkader ; GAOUAR Semir Bechir Suheil ; «Caractérisation phénotypique et étude des indices zootechniques de trois races ovines algériennes» ; In the 5th National Seminar MGBIR between Student and Investor That was held in 06th Mai 2024 University of Tlemcen, Algeria
- ✚ **Haddadi Imane**, Dich Samira, Belharfi Fatima Zohra, Djaout Amal, Haddam Hadi Youssouf, Gaouar Semir Bechir Suheil ; « Study of the zootechnical index of some Algerian sheep breeds» ; In the 5th National Seminar MGBIR between Student and Investor That was held in 06th Mai 2024 University of Tlemcen, Algeria

Sommaire

Introduction générale	i
------------------------------------	----------

Partie bibliographique

Chapitre I. Biodiversité des ressources zoogénétiques et zootechniques.....	1
I.1. Importance de la biodiversité des animaux d'élevage	1
I.2. Origine de la diversité génétique	1
I.2.1. Polymorphismes génétiques.....	1
I.2.2. Forces évolutives	2
I.3. Méthodes de caractérisation des animaux d'élevage.....	2
I.3.1. Méthodes morpho-biométriques.....	2
I.3.2. Méthodes biochimiques ou immunogénétiques	3
I.3.2.1. Marqueurs biochimiques	4
I.3.2.2. Marqueurs moléculaires	5
I.3.3. La bio-informatique et la génétique	11
Chapitre II. Ressources génétiques du mouton Africain, diversité et caractéristiques uniques	12
II.1. Différentes classes de races ovines en Afrique et leurs caractéristiques adaptatives ...	12
II.2. Situation actuelle de la diversité ovine en Afrique.....	14
II.2.1. Etudes morphométriques et caractérisation des populations	14
II.2.2. Paramètres biochimiques, moléculaires et sanguins	17
II.2.3. Diversité génétique et structure de la population	19
II.2.3.2. Microsatellites	20
II.2.3.3. ADNmt	22
II.2.3.4. Séquençage et analyse du génome entier	23
II.3. Conservation des ressources génétiques ovines	25
II.3.1. Conservation <i>in situ</i>	25
II.3.2. La conservation <i>ex situ</i>	26
II.4. La filière ovine en Afrique	27
II.4.1. Filière de production de lait de brebis en Afrique.....	27
II.4.3. Production de la laine de mouton en Afrique.....	28
II.4.4. Production de peau crue	29
Chapitre III. Caractéristiques morphologiques du mouton	31
III.1. Aspect extérieur d'un mouton	31
III.2. Conformation générale d'un mouton	31

III.2.1. Variations de la plastique (Forme)	31
III.2.1.1. Silhouette.....	31
III.2.1.2. Variation des oreilles et de la queue.....	32
III.2.1.3. Format	32
III.2.2. Variations de la phanéroptique.....	32
III.2.2.1. Le cornage	32
III.2.2.2. La robe.....	33
III.2.2.3. La toison	33
III.2.2.4. L’envahissement de la laine	33
III.2.2.5. Le Tassé.....	33
III.2.3. Variations dans les proportions	33
III.2.3.1. Longilignes.....	33
III.2.3.2. Médioligne	34
III.2.3.3. Brévilignes	34

Partie expérimentale

I. Présentation du projet SCALA-MEDI.....	35
II. Matériels et méthodes.....	36
II.1. Zones d’étude	36
II.2. Animaux étudiés	36
II.2.1. Choix des animaux.....	36
II.2.2. Echantillonnage des différentes populations étudiées	37
II.3. Données de typologie d’élevage étudiées.....	40
II.4. Caractères morphométriques étudiés	41
II.4.1. Mensurations corporelles	41
II.4.2. Indices zootechniques.....	43
II.5. Les analyses statistiques	44
II.5.1. Logiciels utilisés	44
II.5.2. Analyses descriptives.....	44
II.5.3. Analyses inferentielles	44
II.5.4. Analyses multivariées.....	44
II.5.4.1. Analyse en composantes principales (ACP).....	44
II.5.4.2. Classification hiérarchique sur les composantes principale (HCPC).....	44
II.5.5. Indice de Shannon et Weaver.....	45
III. Résultats et discussion	46
III.1. Typologie d’élevage	46

III.1.1. Informations collectées.....	46
III.1.1.1. Caractéristiques de l'exploitation.....	46
III.1.1.2. Informations générales sur les éleveurs	50
III.1.1.3. Caractéristiques de l'élevage.....	53
III.1.1.4. Conduite d'élevage.....	59
III.1.2. Analyse des informations collectées	66
III.1.2.1. Analyse factorielle des composants (AFC) :.....	66
III.1.2.2. CAH	67
III.1.2.3. Khi-deux :.....	69
III.2. Caractérisation morphométrique des populations d'ovin en Algérie	70
III.2.1. Analyses descriptives (Mensurations corporelles et indices corporels)	70
III.2.1.1. Mensurations corporelles.....	70
III.2.1.2. Indices corporels	71
III.2.2. Analyses inférentielles	74
III.2.2.1. Corrélation de PEARSON.....	74
III.2.3. Analyses multivariées	78
III.2.3.1. Analyse en composantes principales	78
III.2.3.2. Classification hiérarchique sur composantes principales	81
III.2.3. Indice de SHANOON et WEAVER.....	83
Conclusion	86
Recommandations et perspectives.....	88

Liste des figures

Figure 1. Séquence contenant une répétition GTn (Bautista Salas, 2009).....	8
Figure 2. Modèle de "slippage réplication" permettant d'expliquer l'augmentation ou la diminution du nombre de répétitions dans un microsatellite (Bautista Salas, 2009).....	9
Figure 3. Production du lait de brebis (Millions de tonnes) en Afrique en 2009 et 2019 (Faostat, 2021).....	28
Figure 4. Production de viande ovine (millions de tonnes) en Afrique en 2009 et 2019 (Faostat, 2021).....	28
Figure 5. Production de laine de mouton (tonnes) dans le monde en 2009 et 2019 (Faostat, 2019).....	29
Figure 6. Anatomie d'un mouton [Site web 2].....	31
Figure 7. La carte algérienne montre les zones étudiées.....	36
Figure 8. Race Hamra à Ain safra, Naama (Photo originale).....	37
Figure 9. Race Rembi à Tiaret (Photo originale).....	38
Figure 10. Race Tazegzaweth à Béjaia (Photo originale).....	38
Figure 11. Race Ouled Djellal à Ouled Djellal (Photo originale).....	39
Figure 12. Race D'men à Adrar (Photo originale).....	39
Figure 13. Race Sidaouen à Adrar (Photo originale).....	40
Figure 14. Race Ifilène à Adrar (Photo originale).....	40
Figure 15. Les différentes mensurations corporelles effectuées.....	43
Figure 16. Statut des fermes étudiées.....	46
Figure 17. Représentation de la superficie des fermes.....	47
Figure 18. Les ressources hydriques des fermes.....	48
Figure 19. Représentation d'états de bâtiments d'élevages.....	49
Figure 20. Le pourcentage d'accueil des éleveurs.....	50
Figure 21. Le niveau scolaire des éleveurs.....	51
Figure 22. Représentation des statuts des éleveurs.....	52
Figure 23. Représentation de pratique d'élevage des éleveurs.....	53
Figure 24. Nombre de troupeaux dans les fermes.....	54
Figure 25. Représentation de nombre d'éleveur pour chaque race.....	55
Figure 26. La pureté des races.....	56
Figure 27. Représentation de nombre d'échantillons pour chaque éleveur.....	57
Figure 28. Présence d'autre élevage avec les ovins.....	58
Figure 29. But d'élevages des éleveurs.....	58
Figure 30. Mode d'élevage.....	59
Figure 31. Etat d'hygiène des fermes étudiées.....	60
Figure 32. Les types d'alimentation.....	61
Figure 33. L'accès des vétérinaires aux fermes.....	62
Figure 34. les soins du cheptel.....	63
Figure 35. la vaccination des ovins.....	64
Figure 36. le taux des males pour la reproduction.....	65
Figure 37. Le taux de respect de la sélection et de l'amélioration génétique dans les troupeaux.....	66

Figure 38. Représentation graphique d'AFC	67
Figure 39. Représentation graphique de CAH	68
Figure 40. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race Hamra	74
Figure 41. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race Ouled Djellal.....	75
Figure 42. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race D'man	75
Figure 43. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race Sidaoun	76
Figure 44. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race Ifilene.....	76
Figure 45. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race Tazegzawt.....	77
Figure 46. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race Rembi.....	78
Figure 47. Décomposition de l'inertie totale	79
Figure 48. Représentation des individus (PCA).....	80
Figure 49. Carte des variables factorielles (PCA).....	80
Figure 50. Arbre hiérarchique sur la carte factorielle	81

Liste des tableaux

Tableau 1. Les races ovines africaines (Site web 1).....	13
Tableau 2. Les différentes classes hétérométriques (Cheik et Hamdani, 2007).....	32
Tableau 3. Répartition des races ovines étudiées classées par région et par sexe.....	37
Tableau 4. Définition des mesures corporelles calculées pour chaque animal.	42
Tableau 5. Les différents indices zootechniques étudiés	43
Tableau 6. khi-deux entre le type d'élevage et les autres critères d'élevage	69
Tableau 7. Moyenne, écart type et ANOVA à un facteur avec Tukey-HSD des 17 mesures corporelles pour les 7 races étudiées.	70
Tableau 8. Indices zootechniques.....	72
Tableau 9 . Le lien entre les variables quantitatives étudiées et la partition	81
Tableau 10. Lien entre les variables qualitatives étudiées et la partition	82
Tableau 11. Description de chaque classe par variables et modalités à l'aide du test V	82
Tableau 12. Indice de Shannon et weaver	84

Liste des abréviations

ACP : Analyse en Composantes Principales

AFLP: Amplified Fragment Length Polymorphism

ANOC : l'Association Nationale des Ovins et des Caprins

ARN : Acide Ribonucléique

CHA : classification hiérarchique ascendante

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

EST: Expressed Sequence Tag

ESTP: Expressed Sequence Tag Polymorphism

FAO : Food and Agriculture Organization

INRAA : Institut National de Recherche Agronomique Algérien

ITELV : Institut techniques des élevages

ITDAS : l'Institut Technique du Développement de l'Agronomie Saharienne

RAPD: Retom Amplified Polymorphic

MADR : Ministère de l'Agriculture et du Développement Rural

O : Ovis

Pb : Paire de base

PCR : Polymérase Chain Réaction

PV : poids vif

QTL : Quantitative Trait Loci

QTN : Quantitative Trait Nucleotide

RFLP: Restriction Fragment Length Polymorphism DNA

SNP: Single nucleotide polymorphism

VNTR: Variable Number of Tetem Repeat

FLL : longueur de la patte avant

RLL : longueur de la patte arrière

HoL : la longueur des jarrets

UL : la longueur du pis

UW : la largeur du pis

UC : la circonférence du pis

DT : la distance entre les trayons

TL : la longueur des trayons

TW : la largeur des trayons

TC : la circonférence des trayons

TF : locus transferrine

BM : mensurations corporelles

Introduction générale

La biodiversité représente le stock naturel de toutes les ressources génétiques (animales, végétales et microbiennes), ainsi que les interactions possibles entre ces dernières. Sur la base de ce principe fondamental, il est facile d'appréhender l'importance de celle-ci pour la durabilité, l'évolution et la réalisation de l'espèce humaine, qui ne peuvent être maintenues durablement sans elle (**Abdelguerfi & Ramdane, 2003**).

La dégradation et l'extinction de patrimoines génétiques, végétaux et animaux au cours des dernières décennies représentent un enjeu crucial pour les individus et les institutions engagés dans la préservation de la biodiversité. Le maintien de la diversité biologique et sa gestion durable est un élément fondamental de tout plan de développement en matière d'agriculture et d'alimentation. Effectivement, la variété des espèces animales autochtones est un avantage stratégique. Parmi toutes les espèces, l'ovin algérien est caractérisé par une diversité génétique notable. Cette ressource génétique comprend plusieurs races parfaitement adaptées à leurs environnements, présentant des performances de production variées et des caractéristiques morphologiques également disparates qui semblent indiquer une provenance génétique distincte (**Madani et al, 1993 cité par Ben Youcef et al. 1995**). Cela souligne la nécessité d'une identification des critères de sélection.

En Algérie, l'élevage des moutons est une pratique traditionnelle essentielle ; de ce fait, il a un impact significatif dans l'économie agricole du pays tout en offrant aux éleveurs une source d'épargne financière substantielle. L'attention des plus hautes autorités gouvernementales algériennes devrait être attirée par la nécessité de préserver les races de moutons du pays, vu les dangers d'extinction qui pèsent sur le patrimoine naturel national, aussi bien pour ce qui est des espèces animales que végétales. Par ailleurs, l'Algérie est reconnue pour ses coutumes et son expertise dans le domaine de l'élevage des moutons. Ainsi, des études récentes montrent que certaines races ovines sont menacées de disparition et qu'il existe un besoin urgent en matière de gestion et de conservation des ressources génétiques ovines (**Kebbab, 2025**).

Par exemple, des travaux récents ont montré que la population ovine algérienne, notamment via la caractérisation morphométrique réalisée dans différents contextes locaux, révèle une diversité importante mais encore peu utilisée pour l'amélioration génétique (**Ben Mazouza and Yahimi, 2021**). D'autre part, les systèmes d'élevage ovins dans les zones steppiques improvisées ont dû s'adapter fortement aux contraintes climatiques, ce qui impacte la gestion des races locales (**Benhamida, 2023**).

Depuis de nombreuses années, l'amélioration génétique passe souvent par la valorisation de la variabilité inter-races. Effectivement, elle offre la possibilité de bénéficier des effets d'hétérosis et de complémentarité. Ces ressources ne sont que rarement utilisées de manière adéquate. Toutes les races, variétés et populations d'espèces sont en danger d'extinction. L'absence d'intervention et de suivi sur l'état des standards phénotypiques peut être attribuée au fait que les éleveurs sont laissés à eux-mêmes.

En conséquence, les exploitations sont devenues désorganisées, avec des reproductions non contrôlées et des croisements qui s'effectuent de façon anarchique à travers les différentes

régions du pays. De plus, certaines espèces connaissent une forte régression, alors que d'autres sont complètement menacées d'extinction. Il devient donc crucial de formuler une stratégie pour gérer ce potentiel.

Toutefois, cette démarche ne peut être entreprise qu'après une connaissance approfondie de l'histoire locale des moutons. La première phase de la caractérisation des ressources génétiques locales consiste à identifier les populations en utilisant des descripteurs de répartition morphologique et géographique. Ces attributs aident à saisir la diversité potentielle des caractéristiques morphologiques (**Delgado et al. 2001**).

En outre, on peut recourir à diverses mesures physiques pour déterminer les indices zootechniques, permettant ainsi d'identifier de manière plus précise les populations et de concevoir des plans d'amélioration. **Alderson (1999)** a mis en place un système d'index afin d'évaluer les différentes sortes et fonctions des bovins. Il a mentionné que d'autres espèces pourraient se servir de la méthode suggérée.

De nombreuses recherches ont été réalisées concernant la description des races de moutons algériens, notamment des travaux récents sur la race Rembi (**Djaout et al. 2015 ; Laoun et al. 2015**) ; la race Tazegzawt (**El Bouyahiaoui et al. 2021**), la race D'man (**Belharfi et al. 2024**), la race Berbère (**Djaout et al. 2018**). Il existe cependant encore un manque de travaux sur certaines races et populations locales, ce qui limite encore la planification de stratégies d'amélioration et de conservation.

De plus, l'étude des mobilités pastorales des éleveurs ovins dans la wilaya de Djelfa (**Gaci et al. 2021**) fournit un perspectif système d'élevage. L'Algérie possède une diversité de races ovines adaptées à divers écosystèmes, parmi ces races, il existe des races moins connues ou en voie de disparition et leur caractérisation barymétrique et génétique reste insuffisamment étudiée par rapport aux races dominantes sur le territoire algérien qui nécessite la mise en place des stratégies d'amélioration génétique et de gestion durable des troupeaux, pour préserver le patrimoine génétique ovin local.

Alors, notre objectifs c'est d'étudier la caractérisation barymétrique des races ovines algériennes afin d'établir des critères morphologiques spécifique pour chaque race et d'analyser la différence entre eux. Par ailleurs, une typologie des élevages est réalisée en fonction des pratiques d'élevage et des performances animales ; l'ensemble de ces études mènent à développer des stratégies d'amélioration pour optimiser la productivité animale et préserver la diversité génétique des races ovines algériennes. En effet, la typologie d'élevage en Algérie n'est pas bien définie, limitant l'optimisation des pratiques d'élevage et la valorisation des ressources locales.

Notre travail est présenté en deux sections :

- ✚ La première section propose une bibliographie détaillant l'état actuel de l'élevage ovin en Algérie, ainsi qu'une vue d'ensemble de l'espèce ovine et des races locales. Cette partie est divisée en trois chapitres : le premier regroupe tout ce qui touche à la génétique ovine, le deuxième aborde la situation, la diversité et la préservation des ovins, ainsi que leur production en Afrique, tandis que le dernier chapitre se concentre sur les

caractéristiques morphologiques des ovins.

- ✚ La seconde section présente l'étude expérimentale effectuée, elle décrit le périmètre de recherche, le nombre d'animaux examinés à travers des enquêtes sur l'ensemble du territoire national ainsi que les outils et techniques employés.

Les résultats issus de notre partie expérimentale sont répartis en deux chapitres :

- ✚ Le premier chapitre expose les résultats de la typologie qui inclut les statistiques relatives aux informations générales sur les éleveurs, les spécificités des exploitations et les méthodes d'élevage, ainsi qu'une analyse factorielle des composants (AFC), le CAH et le test du khi-2 pour déterminer la relation entre le type d'élevage et les autres caractéristiques.
- ✚ Le second chapitre expose les conclusions des analyses statistiques de la recherche morphométrique incluant une analyse descriptive, l'ANOVA, la corrélation de Pearson, une Analyse en Composantes Principales (ACP) et une Classification Ascendante Hiérarchique (CAH), ainsi qu'un test χ^2 et l'indice de diversité de Shannon-Weaver.

Partie

bibliographique

Chapitre I. Biodiversité des ressources zoogénétiques et zotechniques

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

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

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

Pendant longtemps, les scientifiques ont accumulé des connaissances sur la nature sans se préoccuper de la conservation des systèmes naturels et de leur diversité biologique (**Lévêque et Mounolou, 2001**). Si nous ne prenons pas les mesures nécessaires, nous perdrons l'opportunité de tirer profit des avantages potentiels que la diversité génétique offre à l'humanité. Enfin, on reconnaît maintenant que la diversité biologique joue un rôle dans les grands équilibres de la biosphère.

I.2. Origine de la diversité génétique

I.2.1. Polymorphismes génétiques

L'explication la plus simple de définir la biodiversité est de la présenter comme la diversité de toutes les formes du vivant. Pour un scientifique, c'est toute la variété du vivant étudiée à trois niveaux : les écosystèmes, les espèces qui composent les écosystèmes, et enfin les gènes que l'on trouve dans chaque espèce. L'étude de cette diversité est possible grâce aux marqueurs morphologiques, aux groupes sanguins, aux marqueurs protéiques et grâce à l'analyse de l'ADN, à ces niveaux la diversité des formes est appelée polymorphisme. La diversité que l'on observe entre les individus est le reflet du polymorphisme du génome (**Moazami-Goudarzy, 1994**).

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

I.2.2. Forces évolutives

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

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

I.3. Méthodes de caractérisation des animaux d'élevage

Avec l'avènement du darwinisme au milieu du XIX^{ème} siècle, il a fallu que la taxonomie et la nomenclature soient réformées pour être adaptées aux concepts de l'évolution, Darwin lui-même ne donnant aucune solution. Pour avoir un début de réponse, il faut attendre les années 1950 et les écrits de l'entomologiste allemand Willi Hennig. Celui-ci propose une méthode d'organisation du vivant à partir d'arbres évolutifs, la systématique phylogénétique. Cette méthode est généralement désignée par le terme de « cladisme », car Hennig considère que les seuls taxons (ou groupes d'organismes) à retenir sont des « clades », c'est-à-dire des groupes constitués d'un ancêtre et de tous ses descendants.

I.3.1. Méthodes morpho-biométriques

Plusieurs méthodes statistiques sont proposées afin de permettre à la systématique phylogénétique de s'imposer en tant que systématique du vivant et ceci à partir des données du polymorphisme. Notamment, les formules conduisant à calculer des distances génétiques entre deux populations, les méthodes de construction des arbres phylogénétiques qui rendent les interprétations aisées et des méthodes de rééchantillonnages qui permettent d'évaluer la confiance que l'on peut accorder à un arbre. Parce qu'il prend en compte la théorie de l'évolution qui elle-même peut être basée sur des comparaisons de données (polymorphisme) morphologiques, biochimiques et/ou moléculaires, le cladisme est une façon de classer le vivant qui a fini par s'imposer à l'ensemble des spécialistes. Cependant Hennig ne traite que de l'établissement des taxons et laisse subsister l'ancienne nomenclature.

Les caractères phénotypiques, notamment ceux concernant la morphologie de la tête et du corps, la couleur de la tête et des pattes...etc., sont habituellement utilisés pour définir les races de mouton domestique. Ces caractères phénotypiques ne peuvent donner que des indications assez vagues sur le patrimoine génétique de la race, du fait que le mode de transmission héréditaire est en général complexe et souvent mal élucidé et que ces caractères, ou tout au moins certains d'entre eux (tels que la taille), peuvent être affectés par les facteurs de l'environnement.

De plus, la ressemblance entre les caractères morphologiques peut être considérée comme le reflet d'une identité génétique, mais cette identité peut être due à différents allèles ou à des

gènes se trouvant sur des loci différents. Une différence d'expression phénotypique peut s'expliquer par une différence réelle au niveau génétique mais elle peut être également due à une variabilité de l'expressivité ou de la pénétrance. La pénétrance est la fréquence d'expression d'un caractère dominant par rapport au nombre de porteurs connus de ce gène dans la population, et l'expressivité correspond au degré d'intensité du caractère en rapport avec un trait héréditaire. Ceci constitue les limites de l'utilisation des caractères morphologiques pour la reconstruction de la phylogénie des races et leur caractérisation. Il n'existe d'ailleurs dans ce domaine qu'un nombre limité d'études en ce qui concerne notre cheptel ovin dont l'ouvrage principal est celui de **Chellig (1992)** que nous avons utilisé comme référence.

Aussi, on remarque que l'identification morphologique de notre cheptel ovin est rendue difficile par le fait que certaines races se ressemblent tellement que seul un œil très expert pourrait les distinguer. C'est le cas par exemple de la race Taâdmit et Ouled-Djellal ou de la race D'man avec la race Targuia. Les enquêtes sur le terrain sont entreprises pour collecter de façon systématique les données nécessaires à identifier les populations et décrire leurs caractéristiques visibles, ainsi que la distribution géographique. Les résultats des différentes techniques d'enquête doivent être vérifiés par des études génétiques moléculaires complémentaires.

En général, des échantillons de 20 à 50 individus de chaque race doivent être sélectionnés afin qu'ils soient pertinents. Cependant, le nombre d'individus échantillonnés peut varier d'un cas à l'autre, il peut être plus faible dans les populations locales fortement consanguines, et plus élevé dans les cas où la population est largement répartie (divisée en différents types écologiques) (**Nei et Roychoudhury, 1974 ; Nei, 1978**).

I.3.2. Méthodes biochimiques ou immunogénétiques

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

Les caractères immunologiques et biochimiques ont un mode de transmission héréditaire assez simple et conforme aux lois de la génétique mendélienne. Les systèmes les mieux connus sont les groupes sanguins et les protéines du sang. Ces systèmes sont génétiquement indépendants les uns des autres ; leur analyse permet de mieux caractériser le patrimoine héréditaire des races par rapport aux études basées sur les caractères morphologiques.

Chez les ovins et les bovins, on connaît respectivement 8 et 13 systèmes sanguins répartis sur plusieurs loci polymorphes (**Delacretaz-Wolff, 1997**). Cet auteur a étudié cinq races ovines suisses (Blanc des Alpes, Brun-noire du pays, Oxford, Nez noir du Valais et le mouton des Hauts-Grisons) pour leur caractérisation ; les fréquences alléliques des facteurs sanguins et des protéines sériques ont été calculées. Les différences de fréquences obtenues pour les spécificités

sanguines, ont été testées et reconnues statistiquement significatives, permettant donc la caractérisation de ces races par les groupes sanguins. Les groupes sanguins sont essentiellement utilisés pour l'identification individuelle et les contrôles de filiation (**Moazami-Goudarzy, 1994**).

Par ailleurs, on dénombre 80 protéines, enzymes sériques, érythrocytaires et tissulaires, contrôlées par 50 loci dans une dizaine d'espèces animales étudiées. Parmi celle-ci, 14 sont polymorphes chez le mouton (**Mc Dermid et al., 1975**). Les protéines sériques étudiées chez le mouton sont nombreuses ; parmi elles : la transférine, l'albumine, l'hémoglobine, l'amylase I et l'anhydrase carbonique II. La transférine est la protéine sérique la plus polymorphe chez le mouton, on compte 12 variants clairement reconnus (**Delacretaz-Wolff, 1997**). Certains variants de la transférine (H et K) ont été découverts lors d'une étude sur 6 races ovines en Tchécoslovaquie (cité par **Delacretaz-Wolff, 1997**). Par ailleurs, l'albumine présente 6 allèles différents ainsi que l'hémoglobine dont 2 allèles majoritaires A et B. Par contre, l'anhydrase carbonique II a seulement 3 allèles différents (**Delacretaz-Wolff, 1997**).

Chez les bovins, la synthèse de 1000 publications concernant le polymorphisme protéique, réalisée par **Baker et Manwell, (1980)** a permis d'établir l'arbre phylogénétique de 196 races. Pour cette étude, dix loci polymorphes ont été considérés dont les cinq protéines du sang précédemment cités et cinq protéines du lait. En raison des enjeux économiques dans l'industrie laitière et fromagère, les protéines du lait ont fait l'objet de nombreuses études, du moins chez les bovins et les caprins, vu leur intérêt, très peu d'études ont été réalisées chez les ovins.

Les caséines α_1 -, α_2 -, et β lactalbumine et la κ -lactoglobuline sont les six principales protéines du lait des bovins. La fréquence des variants génétiques des lactoprotéines est très différente d'une population à l'autre, ce qui permet de les caractériser et d'en établir éventuellement les relations phylogénétiques.

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

I.3.2.1. Marqueurs biochimiques

Groupes sanguins

La première démonstration de variabilité biochimique a été réalisée au début du siècle dernier sur les groupes sanguins ABO humains. Pour les équins, les ovins et les bovins, il existe respectivement 8 et 13 systèmes sanguins, répartis sur plusieurs loci polymorphes (**Delacretaz-Wolff, 1997**). Les groupes sanguins sont essentiellement utilisés pour l'identification individuelle et les contrôles de filiation. Selon une étude réalisée sur les marqueurs utilisés actuellement pour la caractérisation des races ovines, caprines et bovines, les groupes sanguins sont analysés dans 9 % des travaux concernés par cette étude (**Baumung et al, 2004**).

Protéines

C'est grâce à la technique de l'électrophorèse sur gel qu'il a été possible de mettre en évidence les variantes protéiques. Cette technique est basée sur une migration différentielle des protéines à travers un gel sous l'effet d'un champ électrique. Les études de variantes protéiques ou allozymes (enzymes sériques, érythrocytaires et tissulaires) deviennent alors un outil standard pour l'investigation de la variation biochimique et fournissent le premier moyen non biaisé d'estimer la variabilité du génome. Ces marqueurs ont été (et sont encore) largement utilisés pour des études de génétique des populations. En effet, 15 % des études de caractérisation récentes sont réalisées en utilisant des allozymes (**Baumung et al., 2004**).

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

I.3.2.2. Marqueurs moléculaires

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

Concept de marqueurs moléculaires

Les marqueurs génétiques peuvent distinguer plusieurs génotypes à un locus donné et se diffusent selon la loi mendélienne. Ils correspondent à une séquence d'ADN et peut exister sous différentes formes ou allèles. Aujourd'hui, de nombreux marqueurs génétiques peuvent être trouvés et organisés en cartes génétiques pour la plupart des espèces animales. Les caractéristiques principales des marqueurs génétiques (polymorphisme et liaison génétique) permettent d'identifier et de suivre les fragments chromosomiques et de détecter les principaux caractères d'intérêt économique : QTL (Quantitative Trait Loci) et QTN (Quantitative Trait Nucleotide) impliquant le déterminisme génétique des traits d'intérêt.

Le polymorphisme détermine l'origine parentale d'un allèle à un locus donné. Par conséquent, nous pouvons distinguer le locus de la mère et le locus du père.

La liaison génétique peut généraliser les observations d'un locus spécifique à n'importe quels fragments d'ADN entourant le locus. La taille de ce segment correspond à la région chromosomique sur laquelle aucune recombinaison n'a été observée entre le locus et le segment qui l'entoure. Le locus devient un marqueur du fragment et de tous les gènes qu'il contient. Plus le marqueur est efficace, plus le fragment ciblé est court, ce qui limite le taux de recombinaison entre le gène et le marqueur.

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

Marqueurs de l'ADN mitochondrial

L'ADN mitochondrial (ADNmt) se transmet par voie maternelle et sans recombinaison, ce qui permet l'accumulation de mutations dans chaque lignée (**Harrison, 1989**). Sa vitesse d'évolution est considérée comme 5 à 10 fois plus rapide que celle de l'ADN nucléaire (**Brown et al., 1979 ; Vawter et Brown, 1986**). La quasi-totalité de la séquence de l'ADNmt est codante, les gènes sont contigus et ne contiennent pas d'introns. Les parties non codantes sont limitées à de courtes séquences et à une partie plus longue correspondant à l'origine de réplication (D-loop). Plusieurs études suggèrent que l'utilisation du polymorphisme de cette partie, très variable de l'ADN mitochondrial, est efficace pour la caractérisation intra- et inter-races (**Kavar et al., 2002 ; Bowling et al., 2000 ; Hill et al., 2002 ; Yang et al., 2002 ; Aberle et al., 2007**). D'après l'étude réalisée par **Baumung et al, (2004)**, 37 % des études de caractérisation sont basées sur l'étude du polymorphisme de l'ADNmt.

Marqueurs RFLP

La méthode mettant en évidence les marqueurs RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) combine l'utilisation d'enzymes de restriction et de sondes génétiques (**Botstein et al., 1980**). Cette méthode, sous sa forme initiale ou méthode de Southern, est laborieuse et ne permet pas de traiter aisément un grand nombre d'individus. Cependant le couplage de cette approche avec la PCR a permis d'étudier le polymorphisme de restriction de nombreux gènes (**Klungland et al, 1995 ; Lagziel et al, 2000**). Ces marqueurs sont toujours utilisés et **Baumung et al, (2004)** estiment que 17 % des études utilisent ces marqueurs pour la caractérisation de races domestiques.

Marqueurs RAPD

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

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

Marqueurs AFLP

Les marqueurs AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) sont étudiés par une méthode mise au point en 1995 (**Vos et al, 1995**). C'est une technique apparentée à la technique utilisée pour les RAPD. Elle est basée sur une amplification sélecte de fragments de restriction obtenus par digestion de l'ADN génomique. Son principe général repose sur trois phases successives : une digestion-ligation, une amplification pré-sélecte et une amplification sélecte.

Le produit final de ces amplifications est visualisé sur gel de polyacrylamide grâce aux extensions fluorescentes des amorces. Tout comme la technique utilisée pour les RAPD, celle des AFLP ne requiert aucune connaissance préalable du génome à étudier. Elle permet une mise au point rapide, présente une bonne reproductibilité et génère une grande quantité de marqueurs (**Vos et al., 1995 ; Ajmone-Marsan et al., 1997**). Parmi les marqueurs moléculaires, ces derniers sont les moins utilisés en caractérisation, 7 % des études de caractérisation de races domestiques sont réalisées en utilisant les AFLP (**Baumung et al. 2004**).

Marqueurs minisatellites

Un autre type de marqueur moléculaire polymorphe, connu sous le nom de minisatellites hypervariables, a été découvert dans les années 80 (**Jeffreys et al., 1985**). Ces minisatellites sont constitués de répétitions en chaîne (en tetem) d'un motif de 15 à 70 nucléotides. Ces séquences, à nombre variable de répétitions, ont été appelées minisatellites par analogie à l'ADN satellite « vrai » qui se situe au niveau de l'hétérochromatine.

Les minisatellites appartiennent à la classe des VNTR (Variable Number of Tetem Repeat). Ils présentent un polymorphisme de taille dû à la variation du nombre d'unités de répétition qui les constituent. Ces éléments sont très largement représentés et distribués dans le génome des mammifères avec une fréquence moyenne d'apparition d'un minisatellite toutes les 100 kb. La technique permettant d'étudier ces éléments est nommée empreinte génétique et a été largement employée en génétique des populations. Ainsi, **Trommelen et al, (1993)** proposent les minisatellites comme outil d'identification des paternités chez les bovins. Néanmoins, des difficultés concernant les quantités d'ADN requises, la visualisation et l'identification des allèles ont rapidement limité l'utilisation de ces marqueurs.

Marqueurs microsatellites

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

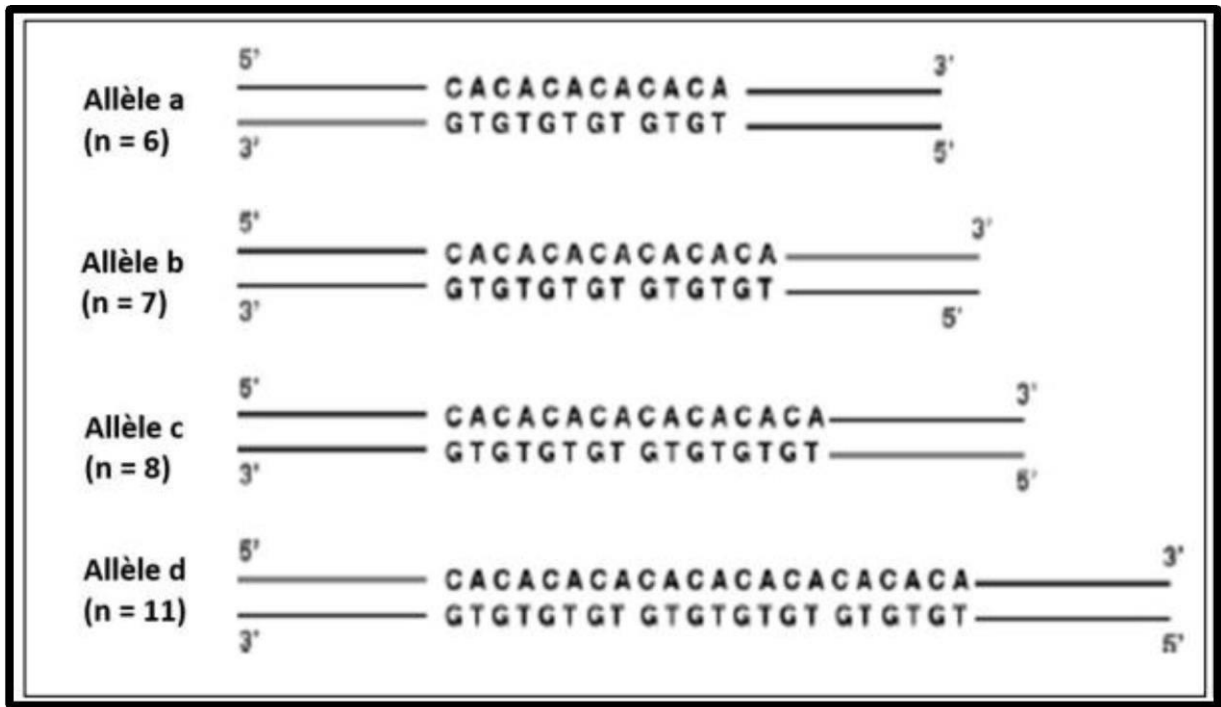


Figure 1. Séquence contenant une répétition GTn (Bautista Salas, 2009)

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

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

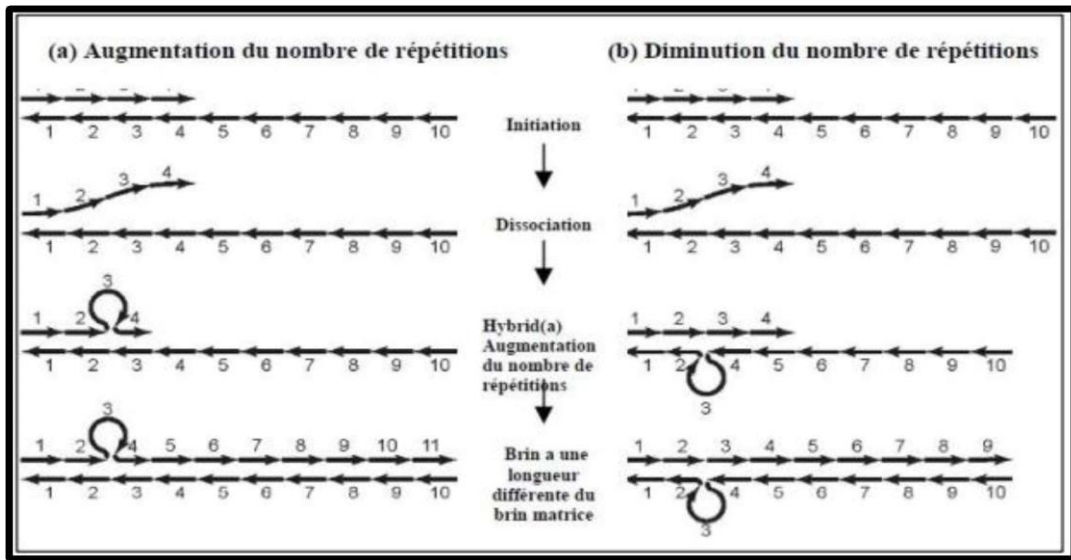


Figure 2. Modèle de "slippage réplication" permettant d'expliquer l'augmentation ou la diminution du nombre de répétitions dans un microsatellite (**Bautista Salas, 2009**)

Mis à part leurs propriétés génétiques, les microsatellites présentent des intérêts techniques considérables. En effet, le génotypage des microsatellites est basé sur l'utilisation de la technique PCR, procédure simple et rapide, suivie d'une migration des fragments amplifiés sur gel d'acrylamide. Plusieurs locus peuvent être étudiés simultanément et les amorces utilisées sont marquées par des fluorophores de couleurs différentes (PCR multiplex). Ces caractéristiques techniques favorisent ainsi la réalisation d'études de populations à grande échelle à l'aide des microsatellites. L'intérêt de l'utilisation des microsatellites dans des études de génétique des populations est très récent. Les microsatellites ont été en premier lieu utilisés dans l'étude des populations humaines puis dans les races domestiques pour évaluer la variabilité génétique intra-race et inter-races (**Ollier et al, 2000**).

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

Ainsi **Baumung et al, (2004)** estiment que 90 % de ces études utilisent ces marqueurs. Actuellement, chez la plupart des espèces d'animaux domestiques, une liste de références de locus microsatellites a été publiée par la **FAO en 2004**, afin de permettre la comparaison entre des analyses obtenues pour différentes espèces animales et par plusieurs équipes de recherche dans le monde. Par ailleurs, l'une des applications les plus développées, à l'heure actuelle, des microsatellites, chez les animaux d'élevage, est la détection des principaux gènes ou groupes de gènes impliqués dans le déterminisme des caractères d'intérêt économique QTL tels que la production de Viande, la production de lait, la résistance aux maladies, la croissance... etc.

En effet, l'identification de telles régions permettrait de mettre en place une sélection assistée par marqueurs moléculaires en vue d'augmenter l'efficacité de la sélection animale (**Montaldo et Meza-Herrera, 1998**). Au sein des populations qui ont subi une pression de sélection, la variabilité génétique diminue. L'objectif est alors de préserver cette dernière afin de permettre la poursuite du progrès génétique sur des QTL, déjà sélectionnés, ou la reconversion des objectifs de sélection vers des caractères peu ou pas pris en compte aujourd'hui. Cette gestion peut être obtenue par l'utilisation des microsatellites.

Marqueurs SNP

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

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

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

Technologie des puces à ADN (SNP array et CGH-array)

Initialement, cette méthode a été mise au point au début des années 90 afin de mesurer le niveau de transcription de milliers de gènes simultanément (puce à expression). Cette technique fait appel au principe d'hybridation par complémentarité de deux brins d'ADN ou d'un brin d'ADN sonde avec un ADN complémentaire issu d'un ARN.

L'usage de cette méthode s'est ensuite élargi à la détection des Single-Nucleotide Polymorphisms (SNP). La puce à SNP est tapissée d'oligonucléotides simples brins, appelées sondes, de séquences connues : les différents allèles d'un SNP peuvent ainsi être représentés. L'ADN de l'individu à tester est d'abord fragmenté puis marqué par un fluorochrome avant d'être mis à incuber sur la puce. Il y a alors hybridation entre les fragments d'ADN marqués et leur brin complémentaire fixé à la puce.

Il existe deux limites principales à cette technique : l'une technique avec l'hybridation non spécifique et l'autre dans le champ de l'existence de variations non connues (i) dans un des

gènes ciblés par la puce ou (ii) dans une région non étudiée. En cas de forte homologie entre des séquences d'ADN, une sonde risque de s'hybrider de façon non spécifique avec l'ensemble de ces fragments. Il peut donc y avoir un biais dans le signal détecté. Par ailleurs, la puce à ADN ne peut détecter les variations ponctuelles qu'au niveau des gènes prévus dans l'analyse (**Bumgarner, 2013**).

Ainsi, si un individu présente un SNP supplémentaire non connu ou une variation causale dans une région non ciblée, le gène responsable de la pathologie ne sera pas identifié. Les puces à SNP sont une variante de la CGH (« Comparative Genomic Hybridization »). Ce dernier est une méthode faisant appel à l'hybridation génomique pour détecter les anomalies chromosomiques déséquilibrées que sont les CNV. Des sondes de 60- 80 pb sont fixées sur une puce ou « CGH-array ». L'ADN du patient et un ADN contrôle sont marqués par deux fluorochromes de couleurs différentes. Ils sont ensuite déposés en quantité identique et simultanément sur la puce. Les fluorochromes sont excités par leur longueur d'onde respective et l'intensité de la fluorescence est mesurée. Pour chaque sonde, le ratio entre les 2 intensités donne le rapport entre le nombre de copies d'ADN témoin et le nombre de copies d'ADN du patient. Chaque valeur de ratio peut être représentée sur un idéogramme de chaque chromosome qui permet la visualisation des CNV.

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

I.3.3. La bio-informatique et la génétique

En plus de la biologie, qui fait généralement référence aux gènes, à l'ADN, à l'ARN ou aux protéines, la bioinformatique utilise également l'informatique et les statistiques pour examiner et analyser les informations biologiques. Par conséquent, on attend des bioinformaticiens qu'ils soient capables d'utiliser au moins un langage de programmation. C'est **Paulien** qui a introduit le terme « bioinformatique » en **1970**, à l'époque, il désignait l'étude du traitement de l'information dans les systèmes biotiques (**Hogeweg, 2011**).

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

Chapitre II. Ressources génétiques du mouton Africain, diversité et caractéristiques uniques

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

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

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

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

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

Partie bibliographique

Tableau 1. Les races ovines africaines (Site web 1)

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

Partie bibliographique

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

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

II.2.1. Etudes morphométriques et caractérisation des populations

Les traits morphologiques sont des outils importants dans la caractérisation des populations de bétail. De plus, les caractères morphologiques sont utilisés par les éleveurs comme indicateur des performances de croissance et de reproduction de leurs animaux, malheureusement ce choix est très souvent lié à la suspicion. Par exemple, les mesures de tour de poitrine et de la hauteur au garrot sont une bonne indication de la croissance alors que la circonférence scrotale est un bon indicateur de la fertilité du bélier et donc un indicateur possible de la performance reproductive de ses filles (**Portes et al., 2018**). Les traits morphométriques sont donc des outils importants dans la caractérisation des populations ovines et sont complémentaires aux marqueurs moléculaires génétiques utilisés dans les études de diversité génétique des populations.

Les races ovines africaines ont été largement caractérisées à l'aide de caractères morphologiques tels que la largeur de la croupe (RW), la longueur de la croupe (RL), la longueur de la queue (TL), la hauteur au garrot (WH), tour de poitrine (HG), la circonférence de la panse (PG), la hauteur de la croupe (RH), longueur des oreilles (EL), longueur de la patte avant (FLL),

longueur de la patte arrière (RLL), longueur du corps (BL), largeur des épaules (SW), circonférence du cou (NC), longueur de la tête (HeL), largeur de la tête (HW), la longueur des cornes (HL) et la longueur des jarrets (HoL), mais aussi la taille des mamelles et la qualité de la laine entre autres. Les caractères morphométriques mentionnés ci-dessus ont été utilisés pour caractériser les moutons nigériens Yankasa, les moutons Uda, les moutons nains d'Afrique de l'Ouest et les moutons Balami du Nigeria. Les résultats ont montré que la longueur de la queue était le trait le plus discriminant dans les quatre populations et la distance génétique la plus longue a été trouvée entre les moutons WAD et Uda tandis que les races les plus proches étaient Balami et Uda.

Belharfi et al. (2017) ont également étudié la biodiversité des moutons en tant que ressources génétiques, en utilisant les paramètres biométriques pour caractériser les races ovines de l'Ouest algérien. Les mensurations corporelles (13 paramètres) de 166 ovins appartenant à six races : Ouled Djellal, Hamra, Barbarine, Srandi, Daraa et Tazegzawt ont été utilisées. La caractérisation baryométrique de ces races a révélé une nette diversité entre les races étudiées et entre les mâles et les femelles, avec des différences très fortement significatives ($p < 0,001$) pour la plupart des mensurations utilisées. Les résultats de l'ACP (Analyse en Composantes Principales) ont permis d'établir 3 classes, dont une seule classe présente la majorité de la population d'où une grande dilution pour la population étudiée. Ce résultat est confirmé auparavant par l'approche génétique de **Gaouar et al., (2016)**.

Dans le but d'étudier la biodiversité du mouton Djallonké indigène camerounais dans la zone soudano-guinéenne du Cameroun. Un total de 280 moutons adultes (âgés de 24 mois) dont 77 mâles et 203 femelles provenant de 112 fermes dans 13 districts de 4 divisions ont été mesurés et analysés. L'analyse de la variance a montré une variabilité dans la population. Selon l'analyse d'ACP, la longueur du corps, le tour de poitrine, la hauteur au garrot et le poids vif étaient des caractères potentiellement discriminants de la population ovine étudiée. L'analyse discriminante a révélé une population composée de trois types génétiques avec le type génétique I ayant les caractéristiques les plus élevées. L'analyse phylogénétique a montré que les types II et III sont plus proches et que les types I et III sont génétiquement plus éloignés. Une forte variabilité intra-génétique a été observée au sein de la population étudiée. L'équation de régression linéaire ($PV = 0,8092TP + 58,923$) avec un coefficient de détermination ($R^2 = 0,66$) prédit mieux le poids vif (**Baenyi et al, 2018**).

La caractérisation génétique et phénotypique du mouton Blackbelly d'Afrique centrale a été réalisée sur un total de 288 ovins adultes afin d'évaluer la diversité génétique de la population Blackbelly dans 3 pays d'Afrique centrale (Cameroun, Congo Brazzaville et Gabon). Au total, vingt-deux (22) mesures corporelles ont été recueillies à l'aide d'outils métriques. Ce dernier a été utilisé pour calculer douze (12) indices dans le but d'apprécier la relation fonctionnelle entre les mesures. Un dimorphisme phénotypique ($P \leq 0,05$) a été observé entre les moutons Blackbelly de différents pays, les animaux les plus hauts et les plus lourds venant du Congo ($HW = 62,217 \pm 5,288$ et $BW = 27,44 \pm 6,08$ kg), le plus long du Gabon ($TBL = 84,69 \pm 8,70$) et le plus grand ($CW = 15,01 \pm 2,531$ et $RW = 14,716 \pm 2,351$) du Cameroun. L'ACP révèle que six composantes principales expliquent 73,1 % de la variabilité observée dans les mesures corporelles de la population de moutons Blackbelly d'Afrique centrale. Les deux premières

composantes qui ont des valeurs propres supérieures à 3 et expliquent 25,44 % (CP1) et 17,41 % (CP2) de la variabilité des mensurations, peuvent être considérées pour un programme d'amélioration et de sélection. Ainsi, la hauteur au dos et la circonférence thoracique semblent être les mesures les plus intéressantes à considérer pour la sélection et la conservation du mouton Blackbelly (**Meka et al., 2021**).

Une étude morphométrique du mouton Djallonké en Guinée Bissau (Nain d'Afrique de l'Ouest) a montré une diversité phénotypique dans la population étudiée et trois formats génétiques à savoir grand, intermédiaire et petit (**Dayo et al., 2021**).

Deribe et al, (2021) ont mené une étude pour vérifier la diversité morphologique de trois races indigènes de moutons à queue grasse et trois à queue fine d'Éthiopie. Les traits phénotypiques tels que le poids vif et les mesures corporelles linéaires (longueur du corps, hauteur au garrot, tour de poitrine, profondeur de la poitrine, hauteur de la croupe, longueur de la croupe, longueur de l'oreille, longueur de la queue et largeur du bassin) ont été mesurés et utilisés pour l'analyse. L'analyse de la variance a montré une variation significative entre les races. Des analyses multivariées ont clairement réparti les races ovines étudiées en populations distinctes. La distance de Mahalanobis a montré une différence significative ($p < 0,01$) entre les races.

Mavule et al, (2016) ont mesuré 14 mesures corporelles linéaires et noté 5 traits qualitatifs pour évaluer la variation morphologique et les relations entre huit populations de moutons zoulous au KwaZulu-Natal. Des moutons ont été échantillonnés dans les communautés rurales d'Empangeni, d'Escourt, d'Eshowe, de Jozini, de Msinga, de Mtubatuba, de Nongoma et de Nquthu. La couleur du pelage brun foncé, qu'elle soit solide ou tachetée de blanc, était la plus fréquente chez les moutons étudiés. Il y avait des variations significatives dans les mesures corporelles parmi les populations de moutons de différentes régions. Les moutons de Nqutu ont mesuré les plus hauts dans la plupart des variables morphométriques tandis que les moutons d'Empangeni ont mesuré les plus bas. L'analyse discriminante a identifié la largeur de la croupe, la largeur de la tête, tour de poitrine, la profondeur du thorax et la longueur de la queue comme les variables les plus distinctes parmi les populations ovines. L'analyse hiérarchique des grappes a révélé deux grands groupes, l'un formé par les populations Empangeni, Mtubatuba et Nongoma, l'autre par les populations Jozini, Msinga et Eshowe. Estcourt et Nqutu ont pris leurs distances avec ces groupes en tant qu'entités individuelles. Environ 62% des moutons individuels ont pu être correctement identifiés avec les populations à partir desquelles ils ont été échantillonnés. Nqutu avait le pourcentage le plus élevé (88,9%) d'affectation correcte tandis que Mtubatuba avait le plus bas (46,7%). Des erreurs d'attribution élevées ont été attribuées à un certain flux de gènes entre les populations ovines.

À propos de la mamelle, **James et al. (2009)** ont étudié les caractéristiques de la mamelle de 143 trois moutons nains d'Afrique de l'Ouest (WAD) dans le sud-ouest du Nigeria ont été évalués et les facteurs les affectant ont été déterminés. Les traits évalués étaient la morphométrie du pis et des trayons, y compris la longueur du pis (UL), la largeur du pis (UW), la circonférence du pis (UC), la distance entre les trayons (DT), la longueur des trayons (TL), la largeur des trayons (TW) et la circonférence des trayons (TC) . La forme du pis et des trayons et le placement des trayons ont également été évalués. Chez les ovins, l'âge, la gestation et l'état de lactation ont influencé significativement ($p < 0,05$) respectivement TL et UC. Toutes les

dimensions de la mamelle et des trayons ont augmenté avec l'âge et la parité, tandis que les dimensions les plus grandes et les plus petites de la mamelle et des trayons ont été observées pour les animaux allaitants et non allaitants (secs) respectivement Les moyennes UL, UW, UC, DT, TL, TW et TC étaient de $11,30 \pm 0,15$ cm, $8,78 \pm 0,13$ cm, $26,21 \pm 0,36$ cm, $9,02 \pm 0,12$ cm, $2,10 \pm 0,02$ cm, $1,19 \pm 0,02$ cm et $3,06 \pm 0,03$ cm respectivement Les formes de pis trouvées chez les moutons WAD étaient en bol et cylindriques. Des tétines en forme de bouteille, cylindriques et en forme d'entonnoir avec des placements de tétines verticaux et obliques ont été enregistrées. Le pis en forme de cuvette était le plus prédominant avec respectivement 57,20 % et 83,92 % d'occurrences. Les tétines de forme cylindrique étaient les plus répandues avec une occurrence de 83,91 %. Le placement oblique (incliné) des trayons était l'occurrence la plus fréquente de 95,10 %. Des corrélations phénotypiques significatives positives élevées ($p < 0,05$) ont également été trouvées entre UL et UW ($r = 0,74$), UL et UC ($r = 0,65$), UL et DT ($r = 0,53$), UW et UC ($r = 0,72$), UW et DT ($r = 0,65$), UC et DT ($r = 0,54$).

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

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

II.2.2. Paramètres biochimiques, moléculaires et sanguins

Chez le mouton, 80 protéines, enzymes sériques, érythrocytaires et tissulaires ont été dénombrées, dont 14 sont polymorphes chez le mouton (**Mc Dermid et al., 1975**). Les protéines sériques étudiées chez le mouton sont nombreuses, dont la transferrine, l'albumine, l'hémoglobine, l'amylase I et l'anhydrase carbonique II. La transferrine est la protéine sérique la plus polymorphe chez le mouton, il existe 12 variants clairement reconnus (**Delacretaz-Wolff, 1997**).

Des variants de la transferrine (H et K) ont été découverts par **Stratil (1973)**, lors d'une étude sur 6 races de moutons en Tchécoslovaquie (**cité par Delacretaz-Wolff, 1997**). De plus, deux albums ont 6 allèles différents et l'hémoglobine a 2 allèles majeurs A et B.

En revanche, l'anhydrase carbonique II n'a que 3 allèles différents (**Delacretaz-Wolff, 1997**).

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

Dans l'étude de **Mwacharo et al. (2002)** qui rapportent la variation de cinq protéines sanguines de cinq populations de moutons trouvées au Kenya. Des échantillons de sang ont été prélevés sur un total de 309 moutons adultes des deux sexes dans les districts de Kwale, Makueni et Kakamega pour le mouton à queue grasse et dans le district d'Isiolo pour le mouton à poils gras. Des moutons mérinos à laine fine ont été utilisés dans cette étude comme population de référence. La transferrine, l'estérase-A et l'estérase-C étaient polymorphes dans toutes les populations étudiées, tandis que l'albumine était monomorphe pour l'allèle S chez le mouton à queue grasse et l'hémoglobine était fixée pour l'allèle B dans les populations Kwale, Makueni et Isiolo. Les phylogénies dérivées des estimations de distance génétique par paires ont montré une nette séparation entre les populations de moutons indigènes et les mérinos exotiques. Cependant, la topologie des premiers a montré une assez mauvaise cohérence avec leur classification morphologique basée sur la localisation de leurs dépôts graisseux, à savoir les moutons à poils à queue grasse ou à croupe grasse.

Selon **Sargent (2012)**, la quantité de variation des allozymes au sein de 19 races de moutons d'Afrique australe et l'étendue de la différenciation génétique entre elles ont été déterminées par six locus de codage enzymatique identifiés. Huit autres locus de codage enzymatique ont été analysés pour cinq races. Entre 55 et 66,67 % des loci codant pour les protéines étaient polymorphes (critère de 95 %) dans toutes les races, sauf pour les brebis Namaqua qui étaient moins polymorphes (33,33 %). Des valeurs de 1,67 à 2,5 ont été obtenues pour le nombre moyen d'allèles par locus et les hétérozygoties moyennes par locus étaient comprises entre 16,6 et 35,9 %. La constitution allélique en particulier au locus de la transferrine (TF) variait sensiblement pour les différentes races. Par exemple, l'allèle TF*H a été noté exclusivement chez le mouton Dormer et l'allèle TF*G a été trouvé chez les races Afiino, Van Rooy, Border Leicester, Blackhead Persian et Skilder-Persian. Les seules races polymorphes au locus de l'albumine étaient les races sud-africaines Mutton Merino et Van Rooy. La constitution allélique aux autres locus polymorphes était similaire pour les races, mais les fréquences alléliques du mérinos sud-africain diffèrent des races mérinos d'autres pays au locus TF. Les valeurs de distance génétique impartiale étaient les plus petites entre les races Dorper et Dormer et les plus grandes entre les races Romenof et Blackhead Persian, et la distance génétique moyenne entre

les 19 races était de 0,067. La quantité moyenne de différenciation entre les races par rapport à la quantité limite sous fixation complète (FST) a été calculée à 0,123, ce qui indique une faible différenciation génétique entre les races étudiées. Cependant, cette statistique ne se reflète pas dans la distribution des allèles qui n'était pas identique pour 25 paires de races (15%) du total (171) dans tous les systèmes sanguins génétiques étudiés. Aucune des paires de races n'a montré des distributions d'allèles identiques à tous les loci étudiés pour au moins un locus différent à chaque paire de races comparées.

II.2.3. Diversité génétique et structure de la population

Un nouvel espoir est né pour la génétique des populations avec l'apparition des techniques d'électrophorèse sur gel, qui permet la mise en évidence du polymorphisme des protéines, notamment l'électrophorèse en gel d'amidon, introduite en **1955** par **Smithies**, qui a commencé se propager au début des années soixante. Elles ont donné lieu à une profusion d'études, notamment sur les protéines sanguines.

C'est ainsi que des travaux sur les enzymes érythrocytaires d'une dizaine d'espèces animales (d'élevage, à fourrure, de laboratoire) ont permis, dès 1975, d'analyser le polymorphisme de 40 systèmes enzymatiques, contrôlés par 50 loci (**Mc Dermid et al., 1975**). Mais ces chiffres ne doivent pas être induits en erreur : ces loci ne sont pas polymorphes chez toutes les espèces, et l'analyse du polymorphisme existant nécessite la mise en œuvre de techniques denses, coûteuses et parfois délicates.

Au final, ces résultats ont permis d'allonger la liste des systèmes de marqueurs, mais cette liste était encore trop restreinte (30 à 40 systèmes par espèce y compris ceux des groupes sanguins) pour permettre un réel développement de la cartographie des espèces reproductrices. Il s'agit finalement du développement des techniques de détection du polymorphisme de l'ADN, celle des fragments de restriction ou RFLP d'abord (**Botstein et al., 1980**), puis celle des minisatellites (**Jeffreys, 1985**) et surtout celle des microsatellites (**Weber et May, 1989**).

Malheureusement, les pays africains n'ont pas profité très tôt de l'avènement des outils moléculaires dans le domaine de la caractérisation des races domestiques, en raison du manque important d'infrastructures et de budget alloué à la recherche scientifique, notamment dans le domaine de la génétique. Mais avec la prise de conscience mondiale du phénomène de réchauffement climatique et des risques de crachats alimentaires, les pays du Nord se sont tournés vers les pays africains pour l'analyse des génomes africains à la recherche de gènes de résilience afin d'améliorer leurs races. Cet intérêt des pays du Nord pour les ressources génétiques africaines a créé une coopération bilatérale et multinationale qui a permis le lancement d'études plus importantes sur la caractérisation génétique de ces ressources.

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

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

II.2.3.1. RFLP

Concernant les RFLP, **Saleh et al. (2020)**, étudient trois mutations différentes ; Fec-B, FecXG, Fec-GH sur trois gènes candidats ; Récepteur de protéine morphogénétique osseuse IB, protéine morphogénétique osseuse 15 et facteur de différenciation de croissance 9, respectivement, chez six races de moutons élevées en Égypte, à savoir ; Rahmani, Barki, Rahmani X Barki croisé, Awassi, Awassi X Suffolk croisé et Ossimi et leur association avec la taille de la portée. L'ADN génomique de 132 moutons a été étudié pour les mutations Fec-B, FecXG et Fec-GH par polymorphisme de longueur de fragment de restriction, polymorphisme de conformation simple brin et séquençage de l'ADN. Les résultats ont révélé que toutes les races ne portaient pas la mutation Fec-B. De l'autre côté, les mutations de FecXG et Fec-GH ont été détectées chez Rahmani et le croisement Rahmani X Barki qui est associé au taux élevé de gémellité / taille de la portée de Rahmani (1,28) et du croisement Rahmani X Barki (1,22). Alors que la taille moyenne des portées pour les autres races avait une valeur moyenne presque constante sur six parités, comprise entre 1,00 et 1,04.

Abubakar et al. (2020) ont évalués la diversité génétique de quatre populations ovines nigérianes, à savoir; Balami, Yankasa, Ouda et Nain d'Afrique de l'Ouest (WAD). Les ADN extraits ont été utilisés pour étudier le polymorphisme au locus du gène de la β -lactoglobuline en utilisant la technique PCRRLFP. Les résultats ont révélé que le pourcentage de locus polymorphe était de 100 % tandis que l'indice d'information de Shannon, l'homozygotie observée, l'hétérozygotie attendue, l'hétérozygotie attendue impartiale et l'indice de fixation étaient respectivement de 0,656, 0,516, 0,464, 0,477 et -0,075. Le flux de gènes (Nm) pour l'ensemble de la population a été estimé à 7,65. Le Fst par paires était faible et compris entre 0,0004 (entre Balami et WAD) et 0,0520 (entre Balami et Yankasa). La variation au sein et entre les populations de moutons montre qu'une grande proportion de la variance observée (98 % à $p < 0,01$) s'est produite au sein des races, tandis que seulement 2 % de la variance ($p < 0,01$) a été due aux différences entre les races. La distance génétique la plus proche était entre le Balami et le WAD (0,001) et entre l'Ouda et le WAD (0,001). L'analyse phylogénétique de trois groupes a révélé et cette étude a montré que des efforts doivent être faits pour prévenir l'usure de la constitution génétique de la population ovine compte tenu de l'indice de fixation négatif.

II.2.3.2. Microsatellites

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

Gaouar et al. (2011) ont également réalisé une étude sur la variabilité génétique et les relations phylogénétiques sur un groupe de six races ovines algériennes : Hamra, Ouled-Djellal, Sidaoun, Taadmit, D'men et Rumbi. Ces études ont été réalisées à l'aide de 4 microsatellites.

Dans Gaouar et al. (2014) la diversité génétique de a été estimée dans sept races ovines, dont deux races locales algériennes (Hamra et Ouled-Djellal) et deux marocaines (Béni-Ighil et D'men) ainsi que deux françaises (Corse et Lacaune) et une race subsaharienne (Foro-Foro), utilisant six marqueurs microsatellites.

D'après **Gaouar et al. (2015a)**, la diversité génétique au sein et entre six des neuf races algériennes en utilisant 30 marqueurs microsatellites montre que malgré la contraction du recensement subie par la plupart des races considérées, la diversité génétique est toujours importante et la consanguinité n'a pas été identifiée comme un problème. Cependant, deux races (Rembi et Taâdmit) semblaient avoir perdu l'essentiel de leur originalité génétique à cause d'un croisement intensif avec les Ouled-Djellal. Sur la base des preuves ci-dessus, les auteurs suggèrent Hamra, Sidaoun et D'man comme races préservant la plus haute priorité pour la conservation en Algérie. Pour analyser la diversité génétique entre deux races transfrontalières.

Gaouar et al. (2015b) ont étudié les Béni-Ighil (race ovine marocaine, n=50) et Hamra (race ovine algérienne, n=35) à l'aide de 6 microsatellites. Le FIS de consanguinité estimé au sein de la population était significatif dans les races étudiées. La distance génétique de Reynolds (DR) et le nombre de valeurs Nm de migrants étaient respectivement de 0,044 et 5,21, indiquant un flux de gènes relativement élevé entre les races.

Dans une autre étude sur les races marocaines, **Gaouar et al. (2016a)** ont utilisé 22 marqueurs microsatellites pour évaluer la diversité génétique entre et au sein de cinq races ovines marocaines : Sardi, Boujaad, Timahdite, Beni Guil et D'man_Morroco. Dans l'ensemble de l'échantillon, un total de 299 allèles a été détecté. Les cinq races ont montré un niveau relativement élevé de diversité génétique.

Ameur Ameur et al. (2017) ont mené une étude sur 296 animaux de 12 races ovines locales différentes (Barbarine, Ouled Djellal, Ifilene, Srandi, Darâa, Rembi, Berbere, Taâdmit, Hamra, Sidaou, Tazegzawt et D'man) élevés en différentes régions d'Algérie. Quinze marqueurs microsatellites ont été utilisés pour déterminer la diversité génétique entre les races. La population de 12 races ovines étudiées en Algérie présentait un nombre élevé d'allèles et un contenu informatif polymorphe.

Ameur Ameur et al. (2020) ont également lancé une étude pour enquêter sur la diversité génétique des races ovines indigènes élevées en Turquie et en Algérie. Quatre races algériennes (Hamra, Ouled Djellal, Sidaou et Tazegzawt) et quatre turques (White Karaman, South Karaman, Karacabey Merino et Kircik) ont été génotypées avec quatorze marqueurs microsatellites recommandés par la FAO. Au total, 340 allèles ont été détectés à partir de quatorze marqueurs étudiés. Toutes les huit races présentent des niveaux de diversité génétique modérés à élevés, avec une légère supériorité des races ovines algériennes. La valeur globale du FIS était faible. Cela peut être dû à la forte consanguinité au sein de la population. Le coefficient global moyen de différenciation des gènes (GST) a montré qu'environ 94,0% de la variation génétique était intra-population. Le plus grand nombre d'allèles prés avec une fréquence supérieure à 5% a été observé chez les ovins Ouled Djellal. L'analyse de la structure des populations étudiées a révélé le K le plus approprié avec quatre groupes génétiques. En conséquence, le dendrogramme a montré que les races ovines algériennes étaient complètement séparées des races ovines turques, de plus le regroupement bayésien a révélé un niveau élevé de mélange, en particulier dans la population ovine algérienne.

Wafula et al. (2005) ont analysé la diversité génétique de 11 populations de moutons Djallonké de Guinée, du Mali, du Sénégal et de Gambie et trois populations de référence du Mali, du

Nigeria et du Portugal ont été estimées à l'aide de 15 microsattellites. Les moutons Djallonké au Mali, en Gambie et dans l'est de la Guinée ont une diversité génétique plus élevée que ceux du Sénégal et du sud et de l'ouest de la Guinée. Des relations génétiques étroites ont été observées entre les moutons Djallonké du Sénégal et de Gambie.

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

II.2.3.3. ADNmt

Dans les études de génétique animale, l'analyse de l'ADN mitochondrial (ADNmt) offre un moyen de détecter les changements dans les populations au fil du temps, ainsi que leur origine maternelle et leurs voies de migration. Les travaux sur l'ADN mitochondrial en Afrique (sur les races domestiques africaines) sont moins fréquents par rapport à ceux menés par les microsattellites.

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

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

des altitudes élevées, et une érosion de la diversité nucléotidique des races marocaines vivant dans les zones arides. Pour améliorer l'élevage ovin et la conservation des ressources génétiques, la région de contrôle de l'ADN mitochondrial (ADNmt CR) de 399 séquences de races ovines indigènes africaines issues d'articles de recherche publiés précédemment a été méta-analysée pour élucider leur relation phylogénétique, leur diversité et leur histoire démographique. Un total de 272 haplotypes ont été trouvés, dont 207 étaient uniques et un niveau élevé de variabilité de l'ADNmt CR a été observé. Généralement, le nombre de sites polymorphes, la diversité des nucléotides et des haplotypes étaient élevés ($284, 0,254 \pm 0,012$ et $0,993 \pm 0,002$, respectivement). Le réseau d'haplotypes de jonction médiane (MJ) a produit trois haplogroupes majeurs (A et C), l'haplogroupe B étant dominant. Un mélange de populations suggère une origine matrilineaire commune et une absence et/ou une faible structure phylogéographique. L'analyse des inadéquations a montré l'expansion récente des races nord-africaines, tandis que les populations d'Afrique de l'Est et continentales présentaient des pressions de sélection pour l'adaptation. Une légère différence génétique historique a également été observée entre les races de moutons à queue grasse et à queue fine (**Wanjala et al., 2021**).

II.2.3.4. Séquençage et analyse du génome entier

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

Le mouton Djallonké est bien adapté aux conditions environnementales difficiles, et est résistant à l'hémochose et résilient à la trypanosomiase animale. Les grands moutons sahéliens, qui cohabitent dans la même région, sont moins bien adaptés à ces défis sanitaires. L'hémochose et la trypanosomiase coûtent collectivement à l'industrie animale mondiale des milliards de dollars en pertes de production chaque année, **Yaro et al. (2019)** ont séquencé séparément puis regroupé selon la race les génomes de cinq individus non apparentés de chacune des races de moutons Djallonké et sahéliennes (provenant du Ghana), avec une couverture combinée supérieure à 22 fois pour chaque race. Un total d'environ 404 millions (97%) et 343 millions (97%) de lectures de séquences des races Djallonké et sahélienne

respectivement, ont été cartographiés avec succès sur le génome de référence ovin Oar v3.1. Les auteurs ont identifié environ 11,1 millions et 10,9 millions de polymorphismes mononucléotidiques (SNP) dans les races Djallonké et Sahélienne, dont environ 15 et 16 % respectivement n'avaient pas été signalés auparavant chez les ovins. Plusieurs régions d'hétérozygotie réduite ont également été trouvées ; 70 co-localisés dans des régions génomiques hébergeant des gènes qui interviennent dans la résistance aux maladies, la réponse immunitaire et l'adaptation chez les ovins ou les bovins. Trente-trois des régions d'hétérozygotie réduite co-localisaient avec des gènes signalés précédemment pour la résistance à l'hémochose et à la trypanosomiase. Ces analyses suggèrent que ces régions d'hétérozygotie réduite pourraient être des signatures de sélection pour ces maladies économiquement importantes.

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

Belabdi et al. (2019) ont étudié dix races ovines algériennes et marocaines, dont trois races transfrontalières, réparties sur une grande partie de la région du Maghreb, qui représente une unité géographiquement et historiquement cohérente. Notre analyse de l'ensemble de données impliquant la réalisation d'un génotypage SNP à l'échelle du génome a révélé un haut niveau d'homogénéisation (analyses ADMIXTURE, NetView, STRUCTURE fine et segments IBD). L'analyse ACP a révélé que la majeure partie du Maroc et la partie nord de l'Algérie étaient concernées par le phénomène, y compris la plupart des races considérées. Le croisement non supervisé avec la race populaire Ouled Djellal a été identifié comme une cause immédiate de cette homogénéisation. La question des races transfrontalières a été étudiée, et la race Hamra en particulier a été examinée via l'analyse des fragments ROH. La diversité génétique a été considérée à la lumière des arches historiques et des travaux anthropologiques. Tous ces éléments pris ensemble suggèrent que l'homogénéisation, en tant que facteur affectant le cheptel ovin maghrébin, a été particulièrement importante au cours des dernières décennies, bien que ce processus ait probablement commencé beaucoup plus tôt. L'homogénéisation génétique que nous avons observée remet en cause l'intégrité des ressources génomiques des animaux d'élevage que représentent ces races locales, dont la conservation est d'une importance cruciale pour l'avenir du secteur de l'élevage.

Álvarez et al., (2020) ont étudié les données génomiques de 184 moutons Djallonké (et 12 moutons Burkina-Sahel en tant qu'exogroupe) générées à l'aide de puces SNP de densité moyenne ont été analysées. Trois statistiques différentes (iHS, XP-EHH et nSL) ont été appliquées pour identifier les régions de balayage de sélection candidates couvrant les gènes potentiellement associés à l'adaptation des moutons à l'environnement ouest-africain. Un total de 207 régions de balayage de sélection de candidats a été défini. L'enrichissement des annotations génétiques et les analyses d'annotations fonctionnelles ont permis d'identifier trois groupes fonctionnels statistiquement significatifs impliquant 12 gènes candidats. Les gènes inclus dans les clusters fonctionnels associés aux signatures de sélection étaient principalement liés à la réponse métabolique au stress, y compris la régulation du stress oxydatif et métabolique et la thermotolérance. Les zones chromosomiques bovines portant des QTL pour la trypanotolérance bovine ont été comparées aux régions sur lesquelles se trouvaient les gènes bovins candidats fonctionnels orthologues. L'importance du BTA4 bovin pour la réponse trypanotolérante pourrait avoir été préservée entre les espèces. La recherche actuelle fournit de nouvelles informations sur la base génomique de l'adaptation et souligne l'importance d'obtenir des informations auprès de populations de bétail non cosmopolites gérées dans des environnements difficiles.

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

II.3. Conservation des ressources génétiques ovines

II.3.1. Conservation *in situ*

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

Le succès de valoriser un RGA, c'est trouver à travers lui un objectif économique. Ainsi, certaines histoires de conservation in situ réussies existent sur le continent. En Éthiopie, les stratégies de conservation et de gestion in situ des ovins sont passées de programmes de conservation et d'amélioration basés sur les stations à des programmes de conservation et d'amélioration basés sur les villages ou les communautés (CBBP). Ainsi, ces dernières années, la stratégie de sélection communautaire a pris de l'ampleur pour augmenter la productivité des moutons indigènes et donc améliorer les moyens de subsistance des petits exploitants agricoles ainsi que conserver la diversité génétique existante grâce à l'utilisation (Mirkena *et al.*, 2012 ; Molla, 2020).

Un programme communautaire d'élevage et de conservation a été développé avec succès pour les moutons Horro dans les régions de Shambu, les moutons Menz dans les régions de DebreBerhan et MehalMeda, les moutons Afar dans la région Afar et les moutons Bonga dans la région de Bonga en Éthiopie (Molla, 2020).

Dans le système de production ovine paysanne africaine, les approches communautaires ont l'avantage de s'affranchir des problèmes d'interaction génotype-milieu, d'éviter le décalage génétique entre noyau et populations villageoises, et sont donc adaptées à la conservation in situ des ressources génétiques animales indigènes (Solomon *et al.*, 2011).

En outre, l'approche communautaire garantit la pleine participation des agriculteurs et sera plus durable à long terme car les communautés locales sont en mesure d'aider au développement d'une approche plus pratique, ciblée et efficace de la conservation ciblée localement. L'aspect collaboratif de cette approche permet également aux populations locales et aux ingénieurs d'être plus fiers de la biodiversité indigène et de sa conservation (Maxted, 2001).

II.3.2. La conservation *ex situ*

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

En Algérie, l'Etat a depuis longtemps mis en place des instituts de préservation des races domestiques dans un esprit de conservation ex-situ in vivo, elle est principalement assurée par l'institut technique de l'élevage (ITElv), l'institut pour le développement de l'agriculture saharienne (ITDAS), le Centre national d'élimination artificielle et d'amélioration génétique (CNIAAG) et le Centre de recherche en biotechnologie (CRBt), mais la plus grande banque d'ADN d'espèces et surtout de races ovines algériennes est détenue par le laboratoire de Génétique Appliquée en Agronomie, Ecologie et Santé publique de l'Université de Tlemcen. Pour les ovins, le meilleur exemple est celui de la préservation de la race Hamra, où actuellement l'institut technique d'élevage (ITElv) d'Aïn El Hadjar, Saida distribue

régulièrement des troupeaux de 01 mâles et 10 femelles aux éleveurs désireux et ayant rempli les conditions établies par l'Institut. Cette action a plus ou moins sauvé la race de l'extinction. Un autre exemple en Algérie est celui de la race Tazegzawth où un programme de collaboration triangulaire (Institut National de Recherche Agronomique Algérien (INRAA), INRAA de Béjaïa et les éleveurs de la région de Béjaïa) pour préserver la race. Au Maroc l'initiation par l'Association Nationale Ovin Caprin (ANOC) a permis de réhabiliter de manière très efficace la race des Moutons Blancs suite à la création d'un réseau interprofessionnel à vocation économique. (Belharfi et al. 2023)

II.4. La filière ovine en Afrique

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

La révolution de l'élevage est restée jusqu'ici largement confinée aux pays émergents, faute de quoi il est difficile de prévoir une explosion comparable de la consommation de produits animaux en Afrique subsaharienne dans les décennies à venir. Les sources de cette explosion seront sans doute similaires : croissance démographique, urbanisation et évolution des modes de consommation. L'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) prévoit un doublement de la consommation de viande par habitant en Afrique d'ici 2050 (de 11 à 22 kg/an/habitant).

II.4.1. Filière de production de lait de brebis en Afrique

Le rôle du lait de brebis dans l'alimentation humaine est important dans de nombreux pays en développement et en particulier dans les pays méditerranéens, d'Europe de l'Est, du Moyen-Orient et d'Amérique du Sud. Une grande variété de produits sont fabriqués à partir du lait de brebis, tels que de nombreux fromages, yaourts, beurre, etc. Le lait de brebis est couramment utilisé pour fabriquer des produits laitiers de culture. Il existe un nombre limité de races ovines spécialisées à des fins laitières.

Les races de brebis laitières les plus productives au monde sont la Lacaune, la Frisonne orientale, la Sarda, l'Assaf, la Chios et l'Awassi. Le lait de brebis est plus riche en matières grasses, en solides et en minéraux que le lait de vache et le lait de chèvre. Ces caractéristiques

le rendement idéal pour la fabrication du fromage (Skapetas Kalaitzidou, 2017). La figure 03 représente la production du lait de brebis en Afrique pendant 10 ans entre les années 2009 et 2019

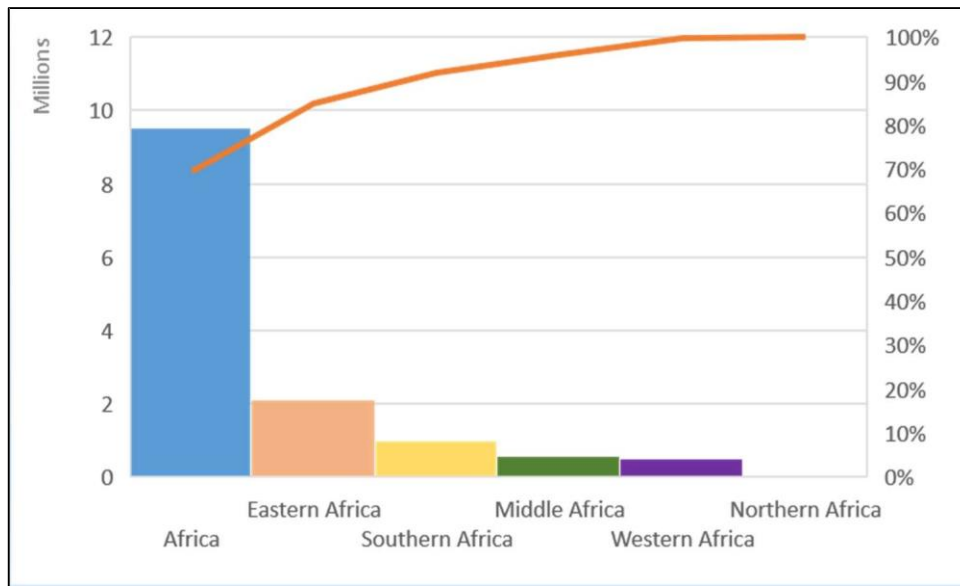


Figure 3. Production du lait de brebis (Millions de tonnes) en Afrique en 2009 et 2019 (Faostat, 2021)

II.4.2. Filière de production de viande ovine en Afrique

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

La figure 04 représente la production de viande pendant 10 ans entre les années 2009 et 2019

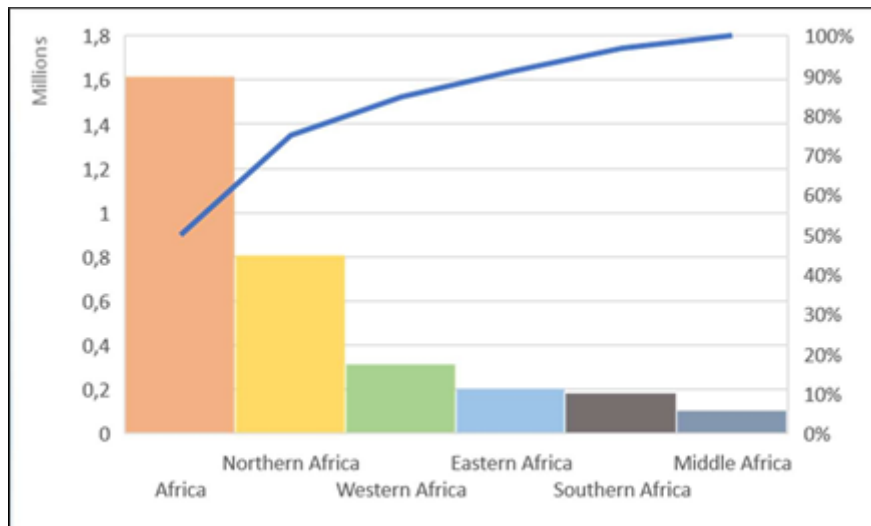


Figure 4. Production de viande ovine (millions de tonnes) en Afrique en 2009 et 2019 (Faostat, 2021)

II.4.3. Production de la laine de mouton en Afrique

La laine a été d'une importance primordiale tout au long de l'histoire de l'homme (Ryder, 2007) et a été le premier produit à justifier le commerce international. En plus des vêtements, la laine est utilisée pour les tapis, les couvertures, les couvertures pour chevaux, le feutre, etc. Bien que

ce produit ne représente que 3 % de la production mondiale de fibres, il est important pour l'économie et le mode de vie de nombreux pays du monde. Pendant ce temps, avec l'augmentation progressive de l'utilisation des fibres synthétiques, la demande de production de laine a rapidement diminué. Malgré le taux élevé de production ovine en Afrique, de nombreux pays africains ne maximisent pas l'élevage de la laine. Bien que les moutons soient très rentables pour leur viande, leur graisse, leur lait et leur cuir, l'élevage de la laine est également une entreprise rentable et peut augmenter les revenus des éleveurs d'au moins 20 %. La figure 05 représente la production de la laine en Afrique pendant 10 entre les années 2009-2019

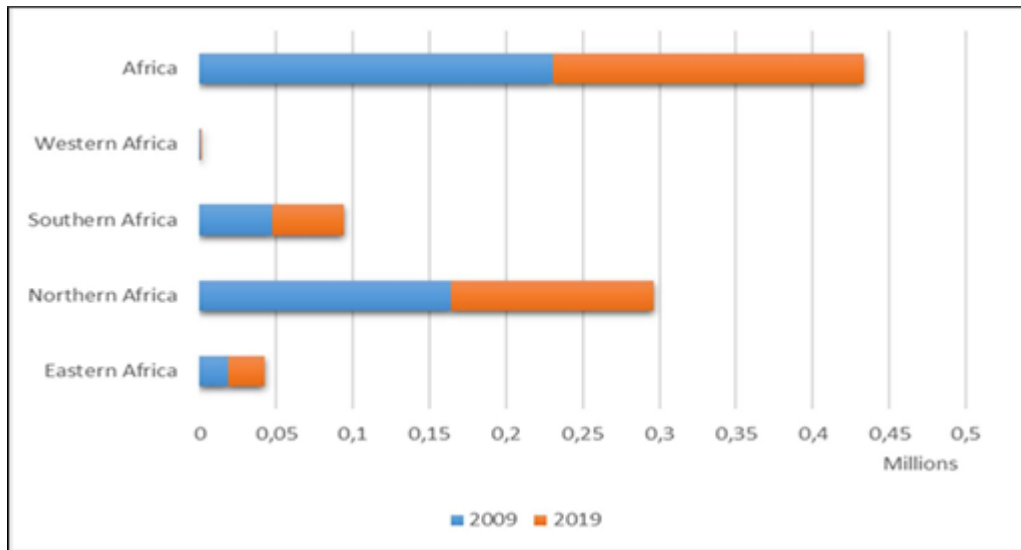


Figure 5. Production de laine de mouton (tonnes) dans le monde en 2009 et 2019 (Faostat, 2019)

II.4.4. Production de peau crue

Les cuirs et les peaux pouvaient être obtenus à partir de poissons, d'oiseaux et de reptiles ainsi que d'animaux sauvages et domestiques. Les sources les plus importantes sont les bovins, les ovins et les caprins. Une présentation de la production de peaux brutes d'ovins pour les années 2000 et 2012. Au niveau mondial une augmentation de 405% est observée durant la période 2000- 2012. L'Océanie a connu une augmentation spectaculaire de la production de peaux brutes de 2776%, suivie de l'Afrique (41,1%) et de l'Asie (23,2%). Au contraire, en Europe et dans l'UE (28) on a observé une diminution significative. Parmi les continents, l'Océanie détient la plus grande contribution (80,7 %) dans la production de peaux de mouton, suivie de l'Asie avec une contribution de 11,7 % (Faostat, 2012). Parmi les différents pays, la Nouvelle-Zélande occupe la première place (7 110 916 tonnes, 79,5 % de la production mondiale totale), suivie de la Jordanie (293 540 tonnes) et de l'Australie (112 194 tonnes).

Le cuir de peau de mouton a une texture lisse, il peut remplacer la peau de daim et à partir de là, on peut fabriquer des gants, des vêtements, des chaussures, etc. La peau d'agneau et la peau de mouton sont des produits en laine. La toison de peau de mouton a d'excellentes propriétés isolantes et elle est résistante aux flammes et à l'électricité statique. À partir d'eux peuvent être produits des vêtements ou des revêtements doux doublés de laine (gants, chapeaux, pantoufles, etc.) (Skapetas et Kalaitzidou, 2013).

La disponibilité des cuirs et peaux par l'abattage ou la mort du bétail revêt une importance particulière pour l'industrie du cuir. Les cuirs et peaux ont été l'une des principales sources de devises étrangères du pays. Bien qu'il se classe aujourd'hui au quatrième rang, après le café, le chat et l'exportation d'oléagineux, dans les années 1980 et 1990, il était le deuxième pourvoyeur de devises étrangères. En 2011, l'Éthiopie a gagné 139,28 millions de dollars américains grâce à l'exportation de cuir fini, de chaussures, de vêtements et de gants vers des pays étrangers (**CSA, 2011**). Cependant, la production de cuirs et peaux dans le sous-secteur est contrainte par des problèmes structurels, de production, d'échange d'informations et de qualité, ainsi que par des contraintes financières. Malgré son potentiel, les cuirs et peaux ont enregistré de faibles performances non seulement dans le secteur de la production mais aussi dans la commercialisation des produits en cuir et peau. Par conséquent, ces problèmes de production et de commercialisation des produits en cuir et peau ont conduit à une revue de la littérature sur ses tendances de production et de commercialisation (**Adem et al., 2019**). Malheureusement, en Algérie ce potentiel économique est très mal exploité et la majorité des peaux et des laines sont jetées. Ce n'est pas le cas au Maroc et en Tunisie où l'artisanat est très développé et donc les peaux et les laines sont très bien exploitées.

Chapitre III. Caractéristiques morphologiques du mouton

III.1. Aspect extérieur d'un mouton

Le mouton domestique a un corps cylindrique porté par des membres grêles et prolongés en avant par un cou bien dessiné (**Dudouet, 1997**). La taille des moutons est très variable. Certaines races sont hautes sur pattes, allongées et étriquées, d'autres sont à pattes courtes, trapues et tout en large (**Bressou, 1978 ; Degois, 1970**). La tête a un profil busqué qui est le profil ovin par excellence, bien qu'il n'y ait pas que le mouton qui ait la tête busquée, mais c'est un terme ancien qui se rapporte aux vieilles races françaises, qui ont un chanfrein qui va du front aux nasaux, le plus souvent arqué d'une courbure convexe avec un front souvent plat. Chez certaines races, les deux sexes portent des cornes, plus développées chez le mâle (**Toussain, 2002**). Cependant, les variations dans cette espèce sont nombreuses. On trouve ainsi des variations de format, de profil, dans les proportions et dans l'extension de la laine (**Cheik et Hamdani, 2007**).

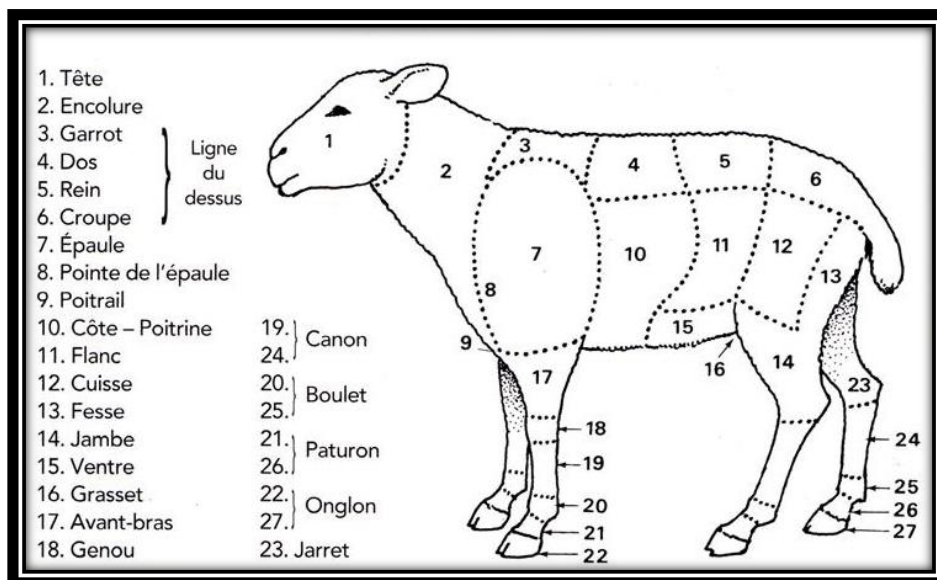


Figure 6. Anatomie d'un mouton [Site web 2]

III.2. Conformation générale d'un mouton

III.2.1. Variations de la plastique (Forme)

III.2.1.1. Silhouette

La silhouette est le dessin qui indique par un simple trait le contour du mouton. (**Degois, 1970**). En général, il y a une bonne corrélation entre le profil céphalique et les contours d'ensemble. (**Laoun, 2007 ; Cheik et Hamdani, 2007**). On retrouve les 3 catégories mentionnées chez les bovins, appréciées d'après le profil et dans les types primitifs, le squelette. (**Denis et al., 1980**)

✚ Type rectiligne

Chez un animal de ce type, toutes les lignes de la silhouette ont la même forme. Le profil du front et du chanfrein dessine une ligne droite, le cou rectiligne et un dos droit avec des pattes verticales et une croupe droite. (**Laoun, 2007; Cheik et Hamdani, 2007**). Ce type est le plus fréquent chez la race Ile de France et Texel (**Denis et al, 1980**)

✚ Type convexiligne

Si le chanfrein est busqué, le front est convexe, les orbites sont effacées et les oreilles sont longues et pendantes toutes les lignes du mouton seront convexes. Le cou est alors en forme de cygne, le dos est voûté ou en « dos de carpe » et les membres sont arqués avec une croupe qui présente une saillie de l'épine dorsale et qui s'abaisse nettement de chaque côté. (Laoun, 2007). Il est fréquent dans les races non améliorées, parfois ultra-convexiligne (Basco-Béarnais, Brigasque) (Denis *et al.*, 1980)

✚ Type concaviligne

Ce type présente un profil céphalique concave au chanfrein retroussé, des oreilles qui tendent à se dresser, des yeux globuleux et des orbites saillantes. L'encolure est renversée, le dos est ensellé, la croupe s'incline rapidement en arrière et les membres présentent des genoux creux et des pieds en dehors. Le type sub-concave peut être trouvé chez le Southdown (Cheik et Hamdani, 2007; Laoun, 2007).

Le profil céphalique concave est rare (Contentin), mais certaines races ayant les extrémités des membres épaisses sont rangées dans la catégorie des concaves (Mérinos, Southdown, etc...) (Denis *et al.*, 1980)

III.2.1.2. Variation des oreilles et de la queue

Les oreilles sont habituellement de longueur moyenne et portées horizontalement avec une simple tendance, selon les races, à se dresser ou à tomber. Elles sont parfois courtes et se dressent plus nettement (Charmoise) ou très longue et alors tombantes (Boukara) (Denis *et al.*, 1980)

III.2.1.3. Format

Par format on entend la taille, ou le poids de l'animal. On distingue 3 types de format qui permettent de classer les animaux en : **Eu métrique, Ellipométrique, Hypermétrique.**

Tableau 2. Les différentes classes hétérométriques (Cheik et Hamdani, 2007)

	Ellipométrie	Eumétrie	Hypermétrie
Poids	<40kg	50/70kg	80kg

III.2.2. Variations de la phanéroptique

III.2.2.1. Le cornage

De nombreuses races de mouton sont désarmées ; parfois le mal armé et la femelle désarmée (Mérinos précoce, Bizet) ; parfois dans certaines races rustiques, les deux sexes sont armés : le cornage est alors beaucoup moins développés chez la femelle que le mâle. Les cornes du bélier sont toujours imposantes, la plupart du temps en spirale plus ou moins longues (80 cm à 1 m pour chacune chez le mérinos). Dans quelques races primitives d'Europe centrale, le cornage est en volute (Denis *et al.*, 1980).

Dans les races primitives, les cornes sont lisses ; corrélativement, la toison est en général jarreuse. Chez le Mérinos, les cornes sont très finement striées : Il y aurait une corrélation entre

la finesse des stries et celle du brin de laine. Dans certaines races (pas en France), il arrive que le nombre de cornes soit de 3 ou 4 (**Denis et al., 1980**).

III.2.2.2. La robe

La couleur de la robe varie beaucoup chez les ovins, plus encore peut-être que chez les bovins (cf populations primitives). Toutefois, les exigences de l'industrie textile s'étant accompagnées d'une augmentation très nette de la fréquence de la robe blanche, la variabilité dans la couleur n'est plus, en France, à quelques exceptions près, suffisante pour mériter d'être envisagée en détail. (**Denis et al., 1980**)

III.2.2.3. La toison

Bien qu'il existe, en Afrique, des moutons sans laine, la grande majorité des races de mouton possède une toison laineuse. A des fins de classements de races, on considère l'envahissement et le tassé de la toison (**Denis et al., 1980**).

III.2.2.4. L'envahissement de la laine

On distingue les toisons :

- **Envahissante** lorsque la tête et les membres sont, en totalité ou, le plus souvent en partie, couverts de laine.
- **Semi-envahissante** lorsque la tête et la partie distales des membres sont dégarnie de laine.
- **Non envahissante** lorsque de surcroît, La moitié inférieure de l'encolure et le ventre, au moins, sont nus.
- Le cas extrême est représenté par la toison « **en carapace** » où la laine n'est présente qu'en très petite quantité, sur le dos et le cote. (**Denis et al., 1980**).

III.2.2.5. Le Tassé

Si la toison est composée uniquement de brins de laine fine, le tassé sera très important (nombre important de brins de laine au mm²). Les mèches auront une section plus ou moins carrée et la surface de la toison paraîtra assez uniforme (toison fermée). Si les brins de laine sont relativement peu nombreux et les poils de jarre abondant, le tassé sera très important, les mèches longues, auront une section pyramidale (toison ouverte). Entre ces deux extrêmes, on peut distinguer les toisons semi-fermées et semis ouvertes (**Denis et al., 1980**)

III.2.3. Variations dans les proportions

III.2.3.1. Longilignes

Les races de ce type ont des lignes longues, plus développées en longueur qu'en largeur, hauts et longs. La tête est longue et fine avec un front étroit et un chanfrein long, le cou est allongé, la poitrine est haute mais resserrée, le garrot est dit « pincé », les cotes sont plates, le bassin est long et étroit, les membres sont longs et fins, exemple : la race Romanov. C'est le type de race apte aux longs parcours et à la bonne aptitude laitière exemple : race Lacaune (**Cheik et Hamdani, 2007 ; Laoun, 2007**).

III.2.3.2. Médioligne

Les races de cette classe sont des intermédiaires entre les deux types extrêmes (**Laoun, 2007**). C'est un type moyen. L'animal est équilibré, les éléments de longueur de largeur et de hauteur donnent une forme harmonique. Ce type se rencontre chez de nombreuses races rustiques dont les aptitudes sont mixtes mais qui par sélection peuvent se spécialiser dans une production donnée. Exemple : race Rouge de l'Ouest, Mérinos de Rambouillet (**Cheik et Hamdani, 2007**).

III.2.3.3. Brévilignes

Ces races sont développées en largeur avec un front large, une face courte ; la tête paraît enfoncée dans la poitrine à cause de la réduction du cou, la poitrine est carrée, les membres courts, ce qui fait dire que l'animal est près de terre (ou bas sur pattes). Ces moutons sont peu disposés à la marche ; ils ont par contre de grandes aptitudes à devenir gras et à faire de la viande (**Laoun, 2007**).

Partie Expérimentale

I. Présentation du projet SCALA-MEDI

Le projet SCALA-MEDI (« Improving sustainability and quality of Sheep and Chicken production by leveraging the Adaptation potential of Local breeds in the Mediterranean area ») vise à renforcer la durabilité et la résilience des systèmes d'élevage ovin et avicole au Maghreb (Algérie, Maroc, Tunisie) et en Europe du Sud. Coordonné par l'Université Catholique du Sacré-Cœur (Italie), il réunit 17 partenaires de sept pays. L'objectif principal est de caractériser génétiquement, phénotypiquement et épigénétiquement les races locales afin d'identifier les gènes et marqueurs d'adaptation aux conditions climatiques extrêmes et d'intégrer ces informations dans des programmes de sélection et de conservation in vivo et in vitro. Le projet développera des outils innovants (phénotypage par capteurs, analyses de méthylation LUMA et RRBS, intelligence artificielle, bases de données harmonisées) pour appuyer des programmes d'amélioration génétique durable et de valorisation des produits issus des races locales. SCALA-MEDI inclut aussi une analyse socio-économique des filières, la création d'un réseau de banques de gènes maghrébines connectées à l'Europe, et un vaste plan de formation, transfert de technologie et communication destiné aux éleveurs, chercheurs et décideurs. À terme, il contribuera à la sécurité alimentaire, à la conservation de la biodiversité génétique et à la valorisation économique des races locales adaptées au climat méditerranéen.

II. Matériels et méthodes

II.1. Zones d'étude

Cette étude a consisté en une enquête de terrain exhaustive pour étudier les caractéristiques morphométriques de sept races ovines (Hamra, Rembi, Ifilene, Tazegzawth, Ouled-Djellal, D'man et Sidaoun) dans six wilayas aux biotopes diversifiés (Naâma, Tiaret, Béjaïa, Ouled-Djellal, Biskra et Adrar) (figure 07 et tableau 07). L'analyse morphologique a été réalisée dans divers contextes, notamment dans des fermes privées, des fermes pilotes, au centre d'insémination artificielle d'Ain-Safra et dans des structures institutionnelles telles que l'Institut Technique d'Elevage (ITElv)

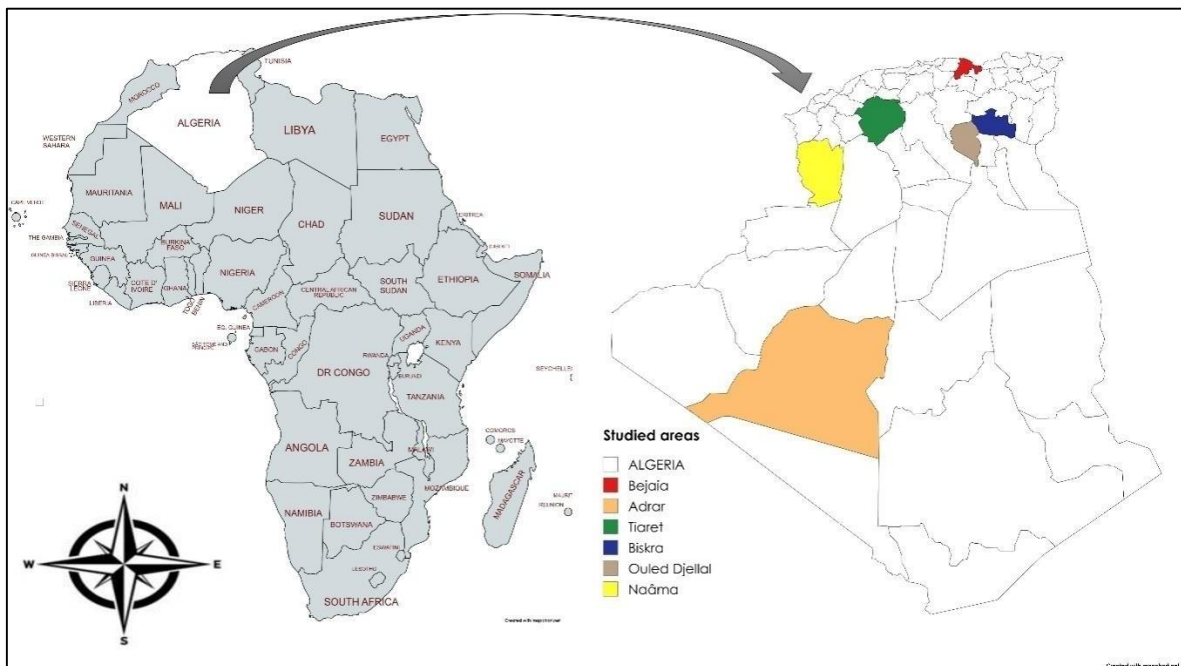


Figure 7. La carte algérienne montre les zones étudiées

Les critères de sélection des stations expérimentales (figure 07) ont été déterminés en tenant compte de l'origine et de la disponibilité des races ovines dans la région, ainsi que de l'obtention du consentement des propriétaires d'exploitations agricoles privées et institutionnelles. L'accessibilité des terres et la possibilité de recevoir l'aide des éleveurs ont également été des facteurs clés pris en compte lors du processus de sélection.

II.2. Animaux étudiés

II.2.1. Choix des animaux

Pour analyser différentes populations animales d'un point de vue morphologique ou génétique, un échantillonnage rigoureux et précis est absolument essentiel. Un autre aspect crucial à considérer est la dimension de l'échantillon ; plus celui-ci est vaste, plus les résultats ont tendance à se rapprocher de la précision. Il est également important de considérer la distance géographique pour éviter l'usage d'individus apparentés et obtenir des résultats biaisés.

On recommande souvent d'utiliser un échantillon de 20 à 50 individus pour chaque race ou région. Le nombre d'individus à échantillonner varie en fonction de leur lien de parenté.

Autrement dit, si les individus sont liés, le nombre peut être diminué, tandis que s'ils ne le sont pas, le nombre doit être augmenté (Nei and Roychoudhury, 1974 ; Nei, 1978). La FAO a constamment recommandé l'emploi de zones géographiques distinctes comportant un nombre d'individus représentatif de la population analysée (Parker et al., 2004).

II.2.2. Echantillonnage des différentes populations étudiées

Notre étude visait à décrire phénotypiquement 333 individus (55 mâles et 278 femelles) d'un âge moyen de $3,11 \pm 1,43$ ans, représentant sept races ovines algériennes (Hamra $3,04 \pm 1,46$ ans, Rembi $3,2 \pm 1,36$ ans, Tazegzawth $4,4 \pm 1,67$ ans, Ouled-Djellal $3,04 \pm 1,56$ ans, D'man $2,29 \pm 0,59$ ans, Sidaoun $2,93 \pm 0,36$ ans et Ifilene $2,44 \pm 0,50$ ans). Les animaux ont été collectés et classés par race, sexe et région entre 2022 et 2023. Les répartitions détaillées sont fournies dans le tableau 3.

Tableau 3. Répartition des races ovines étudiées classées par région et par sexe.

Race	Régions étudiées	Sexe		% Mâle	Total = 333
		Mâle	Femelle		
Hamra	Naama	19	37	34.54	56
Rembi	Tiaret	5	50	9.09	55
Tazegzawt	Béjaia	15	40	27.27	55
Ouled Djellal	Adrar	13	44	22.8	57
	Ouled-djellal				
	Biskra				
Ifilène	Adrar	0	25	0	25
Sidaouen	Adrar	0	30	0	30
D'men	Adrar	3	52	5.45	55



Figure 8. Race Hamra à Ain safra, Naama (Photo originale)



Figure 9. Race Rembi à Tiaret (Photo originale)



Figure 10. Race Tazegzaweth à Béjaia (Photo originale)



Figure 11. Race Ouled Djellal à Ouled Djellal (Photo originale)



Figure 12. Race D'men à Adrar (Photo originale)



Figure 13. Race Sidaouen à Adrar (Photo originale)



Figure 14. Race Ifilène à Adrar (Photo originale)

II.3. Données de typologie d'élevage étudiées

Dans le cadre du projet SCALA-MEDI, un questionnaire (en annexe) a été distribué aux éleveurs à travers l'application ODK Collect pour réaliser cette étude.

- ✚ **ODK** : ODK Collect est une application mobile utilisée pour collecter des données sur le terrain à l'aide de formulaires numériques. Elle permet aux enquêteurs de saisir des informations (textes, choix, photos, coordonnées GPS, vidéos, signatures, etc.) même en l'absence de connexion Internet. Les données enregistrées sont ensuite envoyées vers

un serveur ODK (ex. : ODK Central) dès qu'une connexion est disponible. C'est un outil très utilisé dans les enquêtes agricoles, sanitaires, environnementales et socio-économiques grâce à sa simplicité, sa fiabilité et sa compatibilité avec les appareils Android.

L'étude de la typologie visait principalement à analyser les systèmes d'élevage des ovins dans les zones choisies, ainsi que leurs modes de mise en œuvre et leurs caractéristiques spécifiques, surtout en ce qui concerne l'accès aux ressources pastorales. De plus, nous avons également cherché à identifier les contraintes et les facteurs d'incitations propres à chaque éleveur.

La démarche adoptée repose sur deux sessions participatives et des entretiens semi-structurés effectués avec 23 éleveurs, entre octobre et décembre 2022. Ces éleveurs ont été choisis suite à un processus d'échantillonnage des exploitations ovines. Les interviews, réalisées en arabe, ont pris entre deux heures et deux heures et demie, comprenant à la fois le questionnaire et l'échantillonnage.

Les informations recueillies ont également englobé les moyens alimentaires employés durant la saison agricole de 2020 à 2022, l'évolution de la mobilité et l'organisation des troupeaux, les changements observés dans les itinéraires et leur exploitation, ainsi que la composition du ménage et les sources de revenus des éleveurs.

La base de données ainsi constituée a permis de réaliser une typologie des systèmes d'élevage ovin en utilisant **Excel 2013**. Les variables sélectionnées pour les analyses sont :

- Informations générales sur les éleveurs (Niveau scolaire, Statut de l'éleveur...),
- Caractéristiques de l'exploitation (Système d'élevage, Superficie de l'exploitation...),
- Pratiques d'élevage (types d'aliments fournis aux ovins, Accès à un vétérinaire...).
- La ferme (type, bâtiments, hygiène.....)
- L'accueil des éleveurs
- Le cheptel (les races, le nombre, la pureté....)

II.4. Caractères morphométriques étudiés

II.4.1. Mensurations corporelles

Nous avons effectué les mesures morphométriques en utilisant une toise et un mètre ruban, avec l'assistance de deux éleveurs expérimentés qui tenaient l'animal. Ces derniers ont facilité l'opération en maintenant le ruban à ses extrémités, ce qui nous a permis de réaliser les 17 mesures quantitatives nécessaires. Parallèlement, nous avons examiné la formule dentaire afin de déterminer l'âge de l'animal. Il est essentiel de connaître ce paramètre pour une analyse biométrique.

En effet, nous ne procédons à des mesures morphométriques que sur des animaux qui ont atteint leur maturité anatomique afin d'éviter les biais statistiques liés à la sous-estimation des jeunes animaux.

Au total 17 mesures ont été prises pour chaque animal (tableau 04) : hauteur au garrot (HW), hauteur au dos (HB), hauteur au sacrum (HR), hauteur de poitrine (CH), longueur scapulo-ischiale (SIL), largeur pelvienne (PW), longueur de la tête (HL), largeur de la tête (HdW), longueur de l'oreilles (EL), largeur de l'oreilles (EW), largeur des épaules (SW), largeur des hanches (HpW), largeur du trochanter (TW), largeur des ischions (IW), le tour de poitrine (HG), le tour ventrale (AC) et périmètre du canon (CC).

Tableau 4. Définition des mesures corporelles calculées pour chaque animal.

Mensuration	Définition
Longueur scapulo-ischiale (SIL) ou longueur du corps	Distance comprise entre la pointe de l'épaule et la pointe de l'ischium
Tour droit de poitrine (HG)	Mesure de la circonférence de la poitrine prise en arrière des membres antérieurs et passants par le passage des sangles
Tour ventral (AC)	Distance au tour du ventre
Largeur aux hanches (HpW)	Distance entre les ilions
Longueur du bassin (PW)	Distance de la pointe de la hanche à la pointe de l'ischion ou la distance iléo-ischiale
Largeur aux ischiums (IW)	Distance entre les deux os de la partie postéro-inférieure de l'os coxal
Longueur de la tête (HL)	Distance entre le sommet du front et la bouche
Largeur de la tête (HdW)	Distance maximale entre les deux os zygomatiques
Longueur de l'oreille (EL)	Distance de la base à la pointe de l'oreille droite tout au long de la surface dorsale
Largeur de l'oreille (EW)	Distance entre les deux bords latéraux de l'oreille droite au milieu
Périmètre du canon (CC)	Périmètre de la limite inférieur du 1/3 supérieur de l'os canon antérieur droit
Hauteur au garrot (HW)	Distance entre le sol et le point le plus haut du garrot
Hauteur au dos (HB)	Distance entre le sol et le point le plus haut du dos
Hauteur au sacrum (HR)	Distance entre le sol et le point le plus haut sacrum
Profondeur de poitrine ou Hauteur de poitrine (CH)	Distance verticale entre la pointe du garrot et le sternum
Largeur aux épaules (SW)	Distance entre les deux pointes des épaules
Largeur aux trochanters (TW)	Distance qui sépare les deux trochanters (articulation coxo-fémorale)

Ces mesures réalisées pour la caractérisation phénotypique s'inspirent des travaux sur la population ovine à travers le monde, notamment ceux de (Belharfi et al, 2023 ; Srai et al, 2023), et autres espèces animales : caméline (Felli et al, 2021), caprine (Victor Mela et al, 2023), bovine (Baccouche et al, 2015 ; Sajid et al, 2023)

Les mesures corporelles ont été prises à l'aide d'une toise à double potence et un ruban métrique. La figure 15 représente les différentes mensurations effectuées.



1 : hauteur au garrot ; **2** : hauteur au sacrum ; **3** : hauteur du dos ; **4** : longueur scapulo-ischiale ; **5** : hauteur de poitrine ; **6** : longueur de la tête ; **7** : largeur de la tête ; **8** : longueur des oreilles ; **9** : largeur des oreilles ; **10** : largeur des épaules ; **11** : largeur aux trochanters ; **12** : largeur des hanches ; **13** : largeur du bassin ; **14** : largeur aux ischiums ; **15** : tour de poitrine ; **16** : tour ventral ; **17** : périmètre du canon.

Figure 15. Les différentes mensurations corporelles effectuées

II.4.2. Indices zootechniques

En basant sur les différentes mesures corporelles, 07 indices zootechniques ont été calculés en suivant les études de **Miller et al. (1964)** ; **Chacon et al. (2011)** ; **Djaout et al. (2015)** ; **Djaout et al. (2018a,b)** ; **El Bouyahiaoui et al. (2021)**. L'étude des divers indices zootechniques a permis la classification **ethnologique** des populations examinées. (Tableau 5).

Tableau 5. Les différents indices zootechniques étudiés

Particularité	Indices	Calcul
Format de la tête	Indice céphalique (CI)	HdW/HL
Squelette	Indice dactyl-thoracique (DTI)	CC x 100/HG
Format de l'animal	Indice corporel (BI)	SIL/HG
	Indice de la longueur (LI)	SIL/HW
	Profondeur du thorax relative (DT)	CH/HW
	Rapport corporel (BR)	WH/HR
	Indice du largeur (WS)	RW/SW
	Développement thoracique (TD)	HG/HW

Les indices céphalique, thoracique, pelvien et corporel sont d'ordre ethnologique et fournissent des indications générales sur les traits de la race, notamment en ce qui concerne la constitution de l'animal et ses proportions. Les autres indices sont fonctionnels et fournissent des données sur les performances de l'animal, notamment sa santé, sa condition physique et sa production. (**Esquelzeta et al, 2011**).

II.5. Les analyses statistiques

II.5.1. Logiciels utilisés

Les analyses statistiques ont été réalisées à l'aide du logiciel R Studio (version 4.1.3), avec les fonctions statistiques fournies par le package psych et les capacités exploratoires améliorées par le package Factoshiny.

II.5.2. Analyses descriptives

L'emploi du Package Psych et de la fonction « describe » a permis de décrire les paramètres appliqués à la population étudiée. Ce genre d'analyse est très élémentaire et incontournable. Le calcul du coefficient de variation (CV), employé pour évaluer la dispersion des observations autour de la moyenne pour chaque paramètre, a été réalisé manuellement.

II.5.3. Analyses inferentielles

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.

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).

II.5.4. Analyses multivariées

II.5.4.1. Analyse en composantes principales (ACP)

L'ACP est une technique multivariée connue sous le terme d'interdépendance, car elle ne repose sur aucune variable identifiée comme dépendante ou indépendante. Un autre point crucial de l'ACP est qu'il n'y a pas d'hypothèse nulle à examiner ou à confirmer. Cette méthode facilite la réduction des informations présentes dans un grand ensemble de variables en un nombre limité de nouvelles dimensions, tout en garantissant une diminution minimale d'informations. (**Hair et al, 1998**). L'Analyse en Composantes Principales (ACP) réduit la dimension d'une donnée multivariée en minimisant ses composantes principales à deux ou trois, ce qui facilite leur représentation graphique. (**Kassambara, 2017**). Nous avons mis en œuvre l'Analyse en Composantes Principales sur notre ensemble de données dans le but d'extraire un maximum d'informations sur la distribution des individus selon les groupes de variables..

II.5.4.2. Classification hiérarchique sur les composantes principale (HCPC)

Généralement, les méthodes de classification sont utilisées pour analyser divers types de données. L'objectif principal consiste soit à identifier des groupes d'individus ayant des caractéristiques similaires, soit à segmenter les individus en plusieurs catégories en se basant sur ces caractéristiques communes.

L'intégration des techniques d'analyse en composantes principales et de classification se révèle particulièrement utile lorsque les variables sont continues. L'étape d'ACP peut être perçue comme un processus de réduction du bruit pouvant mener à une classification plus stable. Ceci

peut s'avérer extrêmement utile si nous avons accès à un large jeu de données incluant de nombreuses variables.

En fin, nous pouvons déterminer un nombre exact de classes, chacune d'entre elles étant définie par plusieurs paramètres (variables), potentiellement tous, et un nombre bien défini d'individus dont la localisation est proche du cœur de chaque classe à laquelle ils sont affiliés.

II.5.5. Indice de Shannon et Weaver

Avant de réaliser ce test une transformation des traits quantitatifs en classes doit être réalisée, cette transformation se fait par le biais de la fonction « summary » du logiciel R qui divise l'étendue des valeurs en nombre de classes souhaité, et détermine les limites de chacune des classes.

L'indice de Shannon-Weaver (**Shannon and Weaver, 1948**) est calculé pour chaque race (caractères morpho métrique) dans le but d'estimer la diversité phénotypique qui existe dans chaque race

L'indice de Shannon-Weaver est calculé selon la formule suivante

$$H = - \sum_{i=1}^n P_i \ln P_i$$

Avec :

H=Indice de diversité de Shannon et Weaver

P_i= Fréquence de chaque classe phénotypique i d'un caractère donné n = Nombre de classes phénotypiques de chaque caractère.

Le nombre de classes est calculé par la fonction « summary » du logiciel R dans notre cas on à 5 classes phénotypiques

L'indice (H) est converti vers l'indice relatif de diversité phénotypique (H') en le divisant par sa valeur maximale H max (Ln (n)) afin d'obtenir des valeurs positive comprises entre 0 et 1

$$H' = - \sum_{i=1}^n P_i \ln P_i / \ln(n)$$

L'indice relatif de diversité (H') atteint sa valeur minimale qui est égale à zéro pour les caractères monomorphes. Par ailleurs, la valeur de cet indice augmente avec le degré de polymorphisme et atteint une valeur maximale (1) lorsque toutes les classes phénotypiques présentent des fréquences égales

III. Résultats et discussion

III.1. Typologie d'élevage

III.1.1. Informations collectées

III.1.1.1. Caractéristiques de l'exploitation

a. Statut des fermes

Notre étude inclut 23 éleveurs, répartis entre des fermes étatiques et des fermes privées. Le graphique suivant illustre le nombre correspondant à chaque type de ferme. (Figure 16)

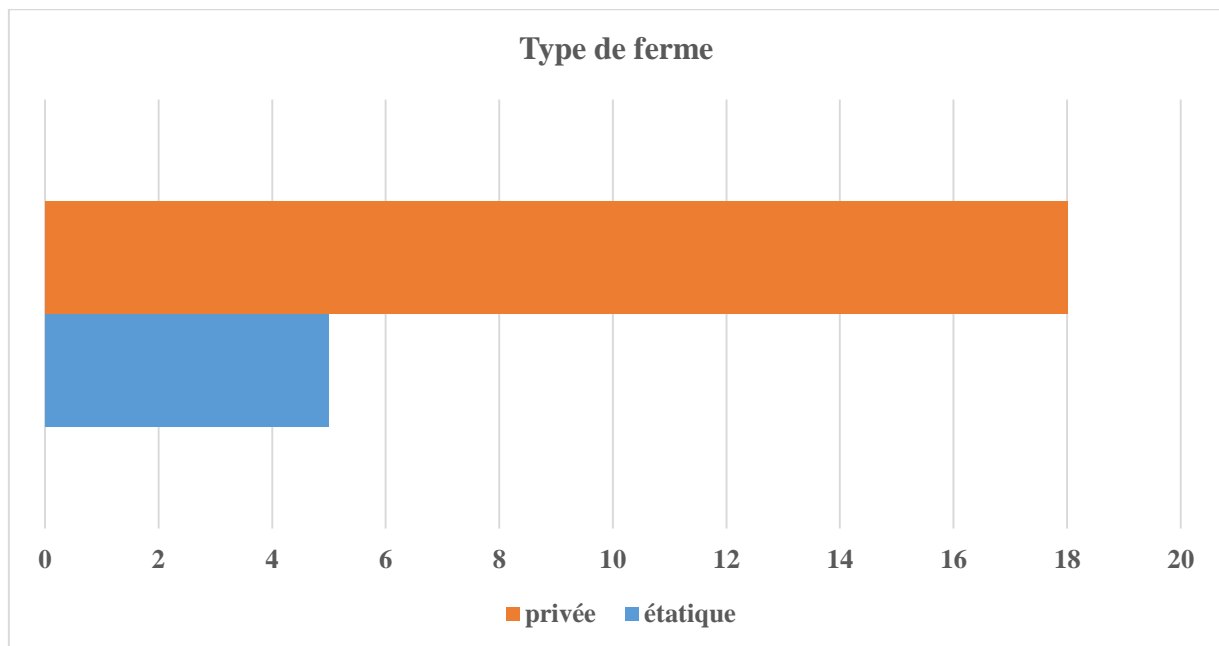


Figure 16. Statut des fermes étudiées

Nous avons travaillé avec 18 éleveurs privés et 5 fermes étatiques, comme : INRAA de Béjaia, ITDAS de Ouled Djellal à Ouled Djellal, CNIAAG de Ain Safra à Naama, et deux fermes pilotes au niveau de la wilaya de Tiaret (figure 16).

Dans l'étude d'Aissaoui (2022) sur la situation de l'élevage ovin, il est précisé que « le programme de recherche-développement s'appuie sur des réseaux géographiques composés de fermes privées et de fermes d'élevage étatiques ». Dans notre étude, on a trouvé une nette prédominance des exploitations privées dans l'échantillon. Cette situation est conforme à ce que dégagent plusieurs études portant sur l'élevage ovin en Algérie, indiquant que les exploitations privées, souvent de petite ou moyenne taille, constituent l'essentiel du cheptel national (FAO, 2006).

Cependant, il est particulièrement pertinent que notre échantillon inclue une proportion d'environ 22% de fermes d'État (5/23), ce qui peut sembler légèrement élevée comparée à la présence réelle de ce type d'exploitations dans le secteur ovin. Certaines sources indiquent en effet que les fermes publiques ou d'État sont relativement peu nombreuses et se concentrent essentiellement sur des stations expérimentales, des fermes pilotes ou des exploitations d'État

b. Superficie de l'exploitation (en hectares)

La figure 17 représente la superficie des fermes visitées. La majorité des fermes ont une superficie inférieure à 10 ha, car certaines sont situées au niveau des maisons (privées) ; qui n'ont pas un grand espace. En revanche, d'autres fermes ont une superficie de plus de 10 ha, allant de 10 à 50 ha. La plupart de ces fermes sont étatiques et spécialement conçues pour l'élevage, comme celles de la wilaya d'Adrar, où les éleveurs disposent de grands espaces leur permettant d'élever plusieurs animaux.

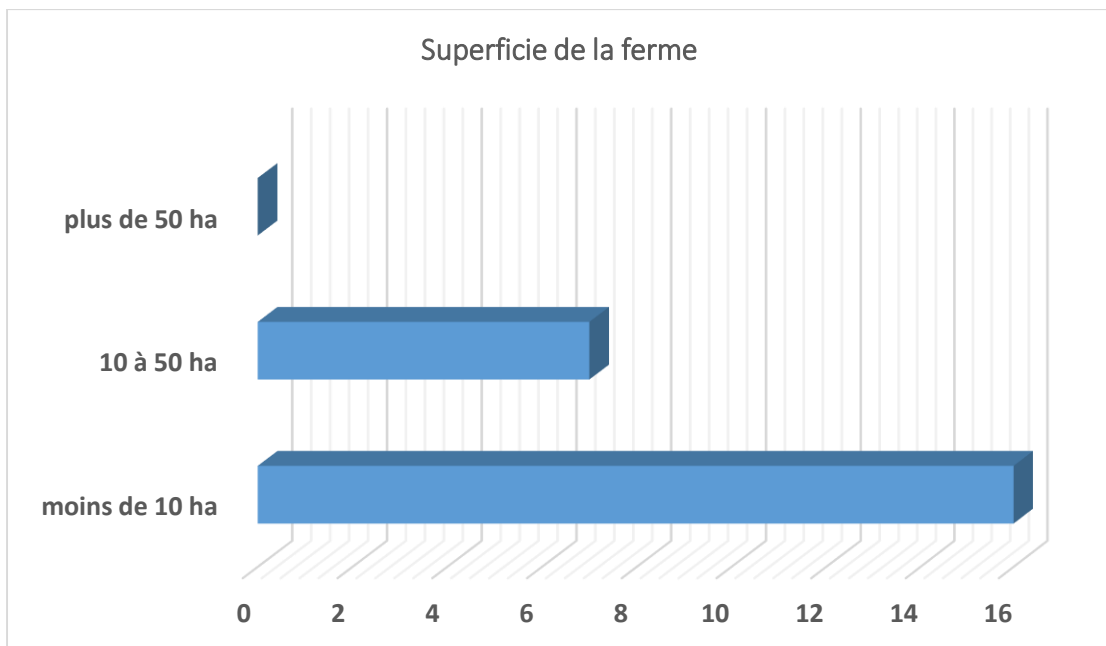


Figure 17. Représentation de la superficie des fermes

En Algérie, la taille des exploitations ovines varie sensiblement selon les régions et les systèmes de production décrits dans la littérature. Par exemple, dans l'étude de **Yakhlef et al. (1999)** portant sur la région de Chlef, les « gros éleveurs » disposent de systèmes où les unités fourragères et l'alimentation contrôlée sont mises en œuvre, bien que la superficie de l'exploitation ne soit pas particulièrement élevée.

Dans les Hautes Plaines du Sétifois, **Dekhili et al. (2003)** rapportent que les exploitations ovines à vocation viande comptaient, dans certains cas, entre 50 et 100 brebis reproductrices, ce qui implique la disponibilité de surfaces pastorales suffisantes et une bonne valorisation des parcours naturels.

Toutefois, l'échelle « < 10 ha » observée dans notre cas d'étude apparaît particulièrement faible. Il serait donc pertinent de la comparer à d'autres travaux réalisés en Algérie, qui mentionnent des superficies généralement plus élevées. Ainsi, **Yakhlef et al. (2014)**, dans une étude sur les exploitations mixtes bovin-ovin du Nord-Est algérien, rapportent une superficie moyenne de 20,5 ha, traduisant une meilleure intégration des ressources fourragères et pastorales.

D'autres travaux confirment également que les exploitations ovines extensives de l'Est et du Centre de l'Algérie présentent le plus souvent des tailles comprises entre 15 et 40 ha, selon la

disponibilité foncière, les potentialités agro-pastorales et la pression exercée sur les parcours (Benaouda et al., 2018 ; Laoun et al., 2020).

c. Ressources hydriques (Disponibilité d'eau)

Le diagramme suivant (figure 18) représente les ressources hydriques disponibles pour chaque ferme. La majorité des éleveurs fournissent de l'eau aux moutons à partir de puits, en utilisant des systèmes de distribution d'eau tels que des bassins. D'autres éleveurs utilisent directement l'eau de source, tandis que 2 éleveurs se servent de l'eau de vallée. Il est essentiel que l'eau soit distribuée en quantité suffisante et à volonté, et qu'elle soit pure et de très bonne qualité. (Recommandations pratiques en élevage ovin)

En Algérie, dans les zones steppiques ou semi-arides, l'accès à l'eau constitue fréquemment comme un facteur limitant pour l'élevage. Le rapport de l'Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) indique en effet que l'élevage ovin et caprin se concentre essentiellement dans des espaces où les ressources naturelles (parcours et eau) sont contraintes (FAO 2008).

Par ailleurs, dans une étude menée dans la région semi-aride de Chlef (Algérie), il est souligné que la ressource pâturée est très variable d'une exploitation à l'autre (Yakhlef and Taherti 1999), même si la contrainte liée à l'accès à l'eau y est moins explicitement mentionnée. Néanmoins, les contraintes climatiques (sécheresse, accès limité à la végétation) mettent indirectement en lumière l'existence d'un défi pour l'alimentation hydrique du cheptel (Bneder 2005 ; Yousfi et al. 2017).

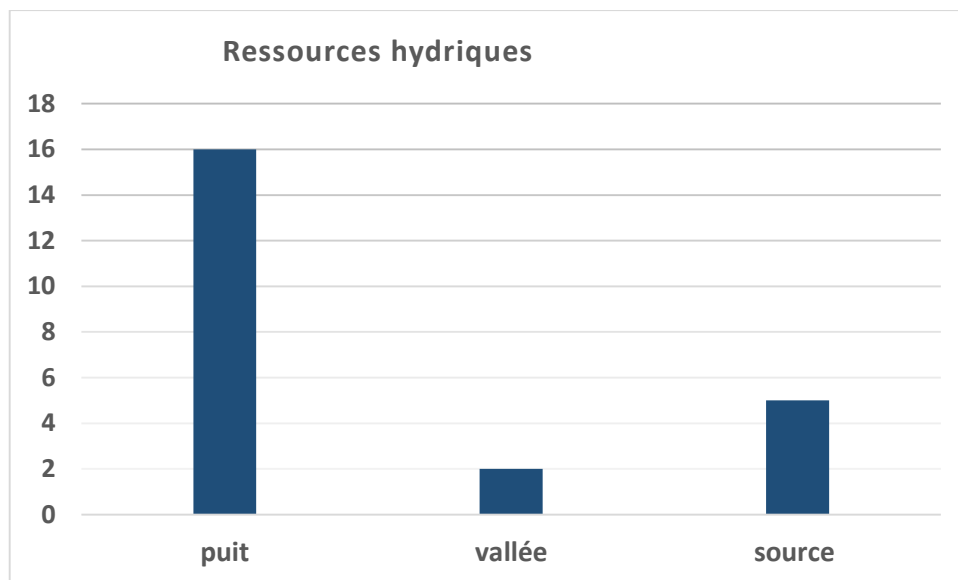


Figure 18. Les ressources hydriques des fermes

d. Bâtiment d'élevage

Le diagramme suivant (figure 19) représente l'état des bâtiments d'élevage. La majorité des éleveurs ont des bâtiments dans un état moyen, bien qu'il soit nécessaire d'avoir des bâtiments bien entretenus pour assurer le bien-être des animaux et un bon rendement ; tandis que dans l'étude de Tefiel et al. (2023), les bâtiments sont à 67 % semi-modernes, avec un sol souvent

argileux, et sont donc généralement mieux structurés, ce qui reflète une organisation plus traditionnelle mais mieux adaptée au climat steppique.

En Algérie, les conditions d'élevage dans les bâtiments sont souvent décrites comme peu évoluées, notamment dans les zones de production extensives ou agropastorales. Par exemple, dans l'étude sur l'élevage bovin viande (qui inclut parfois de l'ovin) de **Yakhlef et al., (2014)**, les bâtiments abritant plusieurs espèces, allant du traditionnel au semi-moderne, sont « généralement peu aérés, humides et insalubres ».

De même, dans les systèmes agropastoraux ovins en Algérie (Batna/Biskra), il est mentionné que les animaux sont logés dans des bergeries avec une organisation structurelle limitée, ce qui reflète des conditions d'élevage perfectibles (**Rahla, 2023**).

L'abri des animaux doit être sec, car l'humidité favorise les maladies ; en effet, les environnements humides sont pathogènes. L'abri doit également être lumineux, car la lumière joue un rôle clé dans la santé des animaux. De plus, sa construction doit être proportionnée au nombre d'animaux présents dans l'élevage. Si les animaux sont trop nombreux par mètre carré, leur croissance sera entravée.

L'abri doit également être protégé des nuisibles, comme les serpents, les rats et les voleurs, grâce à de bonnes fermetures. Une gestion optimale des ouvertures, telles que les portes et les fenêtres, est également essentielle pour assurer une bonne luminosité et une ventilation adéquate, tout en minimisant les pertes de chaleur.

Ces mesures permettront d'améliorer le confort des animaux, mais aussi de réduire les dépenses en électricité ou en fioul. Dans ce contexte, la rénovation énergétique est un excellent moyen de remédier au froid dans les bâtiments et de réduire les factures. Il est aussi important de tenir compte du confort de l'éleveur et des employés pendant leur travail sur le site. **[Site web 3]**

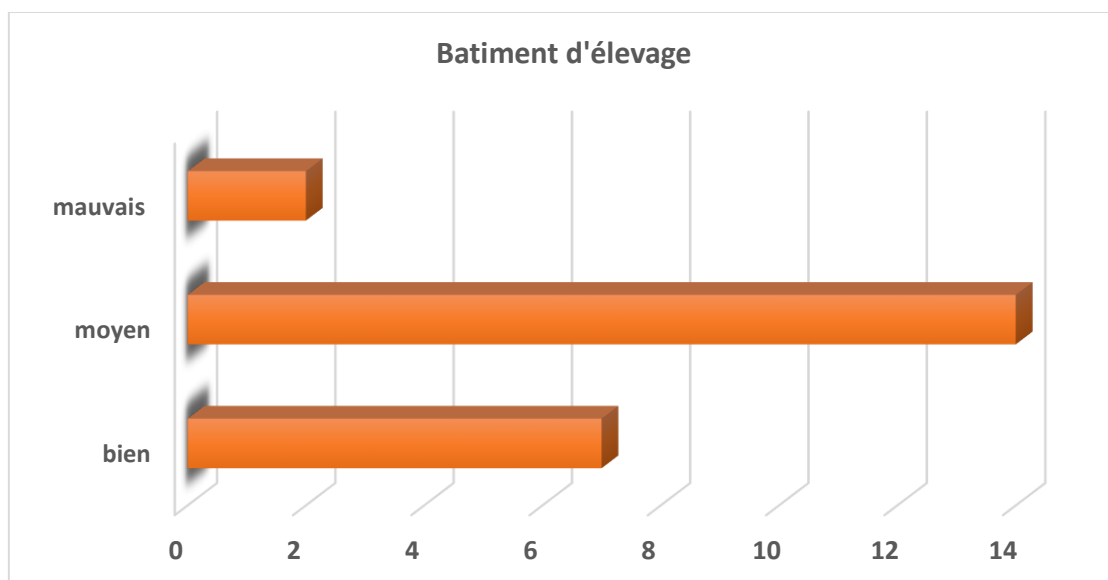


Figure 19. Représentation d'états de bâtiments d'élevages

III.1.1.2. Informations générales sur les éleveurs

a. Accueil des éleveurs

Le graphique (figure 20) représente l'accueil des éleveurs qui était facile, normal ou difficile

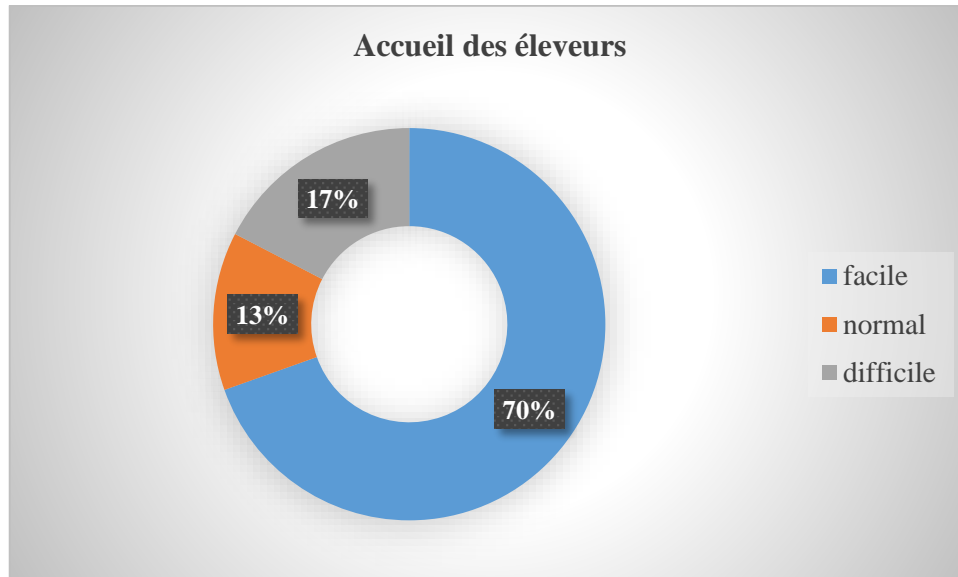


Figure 20. Le pourcentage d'accueil des éleveurs

Nous avons constaté que l'accueil des éleveurs est généralement facile dans la majorité des cas, représentant 70 %. En revanche, 17 % des cas présentent un accueil difficile, principalement en raison du caractère familial de ces élevages. Les 13 % restants correspondent à des situations normales.

L'accueil des éleveurs est un paramètre méthodologique important car il influence la qualité des données recueillies. Un accueil difficile peut engendrer des biais (réponses partielles, hésitations, fermeture d'accès). Le fait que 70 % aient accordé un accueil facile est un point positif pour la fiabilité des données.

Dans la littérature algérienne, peu d'études quantifient explicitement l'accueil des éleveurs. Toutefois, dans les mémoires de terrain, il est souvent mentionné que l'accès aux exploitations familiales est plus délicat que dans les exploitations étatiques ou suivies par la recherche. Par exemple, **Aissaoui (2022)** rapporte que « la gestion traditionnelle des élevages rend parfois l'enquête difficile ».

b. Niveau scolaire

La figure 21 présente le niveau scolaire des éleveurs visités. La majorité des éleveurs ont un niveau primaire ou sont parfois analphabètes, ce qui peut s'expliquer par le phénomène de transmission de père en fils, car dans les familles anciennes, l'élevage (ovins, bovins, volaille, etc.) est une activité courante. La deuxième tranche regroupe les éleveurs ayant un niveau secondaire ou universitaire, avec une prédominance d'éleveurs universitaires dans les fermes étatiques. Enfin, la dernière tranche, la moins représentée, correspond aux éleveurs ayant un niveau lycée.

Ces résultats confirment les tendances observées par **Tefiel et al. (2023)**, avec un pourcentage de 73 % d’analphabètes au niveau de la wilaya de Tissemsilt et 67 % d’analphabètes au niveau de Tiaret. Ainsi, la majorité des éleveurs ovins algériens ont un faible niveau d’instruction, ce qui limite l’adoption de techniques modernes (sélection, prophylaxie...).

Une étude réalisée auprès de 58 éleveurs ovins dans les régions de Laghouat, El Bayadh et Djelfa a trouvé que parmi les éleveurs enquêtés : 13 sans aucun niveau d’étude, 23 avec un niveau primaire, 11 avec un niveau secondaire, 8 avec un niveau lycée et 3 avec un niveau universitaire (**Kheniche and Douifi., 2011**). Cela correspond donc à une proportion importante d’analphabètes ou de niveau primaire, ce qui rejoint votre constat.

Dans la wilaya de Blida, une enquête sur 35 exploitations a mis en évidence que « la majeure partie des élevages sont gérés par des propriétaires de niveau d’instruction primaire ou analphabètes » (**Mazari and Larfi, 2017**).

Dans un travail plus restreint qui a été réalisé sur 15 exploitations par **Laoun, (2017)**, il a trouvé 13,33 % d’analphabètes, 53,33 % de niveau secondaire et 33,33 % de niveau universitaire, ce dernier chiffre, 33 % d’universitaires, plus élevé que dans les autres enquêtes, peut s’expliquer par la taille réduite de l’échantillon ou par un contexte particulier.

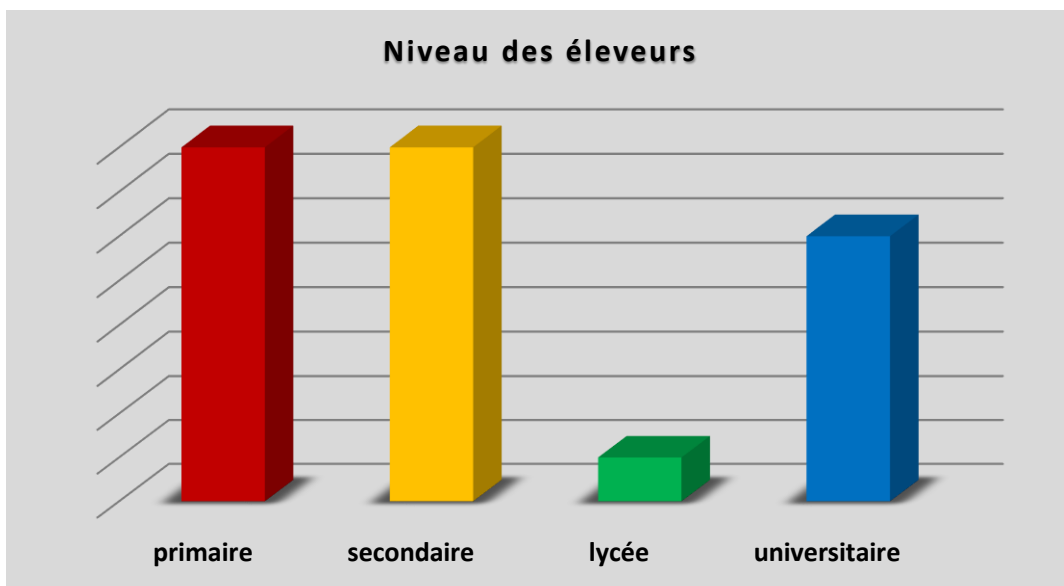


Figure 21. Le niveau scolaire des éleveurs

c. Statut de l'éleveur

La figure 22 présente les statuts des éleveurs. La majorité des éleveurs, soit 65 %, sont des professionnels, car ils considèrent l'élevage comme une source de vie, en achetant et en vendant des moutons. En revanche, 35 % des éleveurs sont des amateurs, pratiquant l'élevage en complément de leurs métiers principaux.

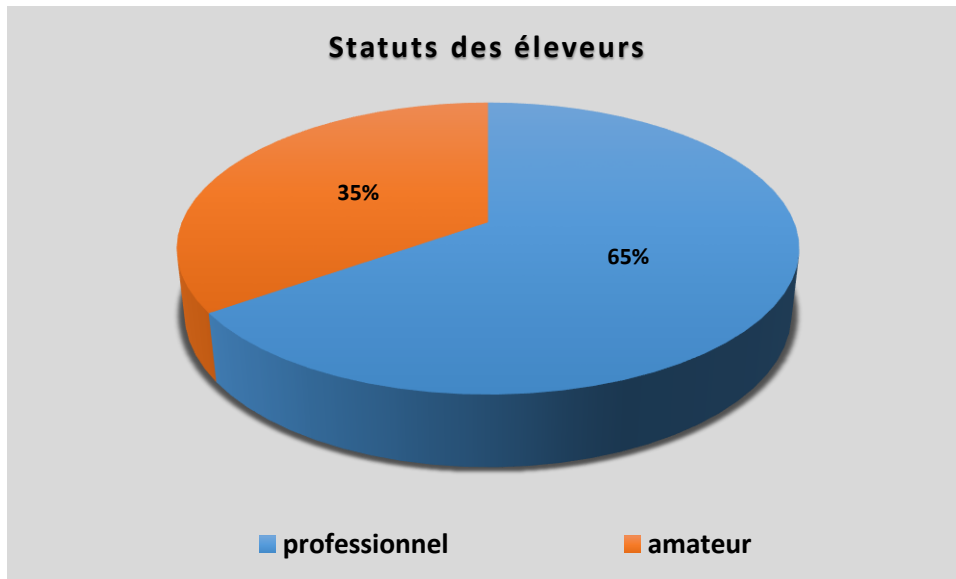


Figure 22. Représentation des statuts des éleveurs

Dans une étude menée sur la wilaya de Blida, il a été rapporté que l'élevage ovin est dans sa totalité privé et que l'élevage ovin constitue l'activité principale dans l'ensemble des exploitations (**Boukhechem, 2018**).

Nos résultats suggèrent que, dans les régions étudiées, la quasi-totalité des éleveurs se considèrent comme des professionnels ou, à tout le moins, comme des éleveurs exerçant à plein temps. Des observations similaires ont été signalées dans d'autres zones du Nord de l'Algérie, notamment dans les wilayas de Tiaret et de Sétif, où l'élevage ovin représente une activité économique dominante au sein des exploitations agricoles (**Boudjellal, 2020 ; Mebarki, 2019**). Cette tendance confirme l'importance du statut professionnel de l'éleveur dans le maintien et la durabilité des filières ovines algériennes (**Khaldi, 2021**).

Cependant, dans d'autres contextes (non nécessairement ovins, ou non détaillés), il est reconnu que l'élevage reste une activité secondaire voire complémentaire pour certains agriculteurs. Par exemple, des politiques nationales mentionnent l'absence de structuration et de formation et que certains se limitent à l'élevage « car on ne sait faire que cela ». (**TSA, 2023**)

d. Expérience de l'éleveur

La figure 23 présente les pratiques d'élevage des éleveurs, montrant que la majorité d'entre eux ont plus de 10 ans d'expérience, tandis que 6 éleveurs possèdent une expérience de 5 à 10 ans et 4 éleveurs ont moins de 5 ans d'expérience.

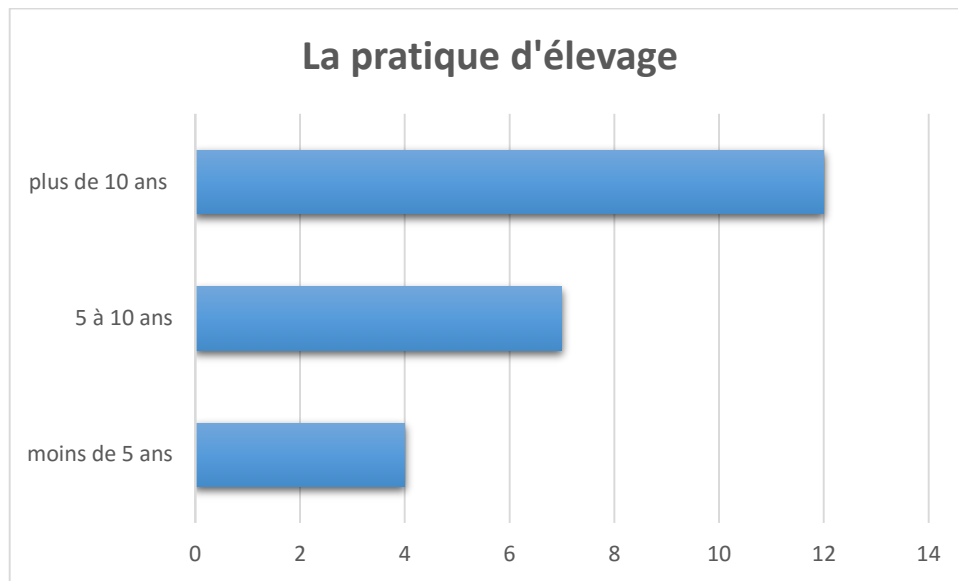


Figure 23. Représentation de pratique d'élevage des éleveurs

L'étude effectuée dans la région de Messaâd (Algérie) sur 27 exploitations mentionne l'importance du système traditionnel et le fait que l'élevage est « en voie de régression malgré l'importance de l'effectif national». (Kheniche and Douifi, 2011) Cela suggère l'ancienneté des exploitations.

Il est courant dans les systèmes ovins algériens que l'activité soit transmise de manière intergénérationnelle, ment et donc que les éleveurs aient de nombreuses années d'expérience (ce qui correspond à votre constat de majorité > 10 ans).

Le fait que peu d'études mentionnent des éleveurs « nouvellement entrés » (moins de 5 ans) pourrait indiquer que ce segment est peu étudié ou faiblement représenté

III.1.1.3. Caractéristiques de l'élevage

a. Nombre total d'ovins élevés

La figure 24 présente le nombre de troupeaux dans les fermes visitées. 10 éleveurs possèdent des troupeaux comptant entre 50 et 200 moutons, 9 éleveurs ont des troupeaux de moins de 50 moutons, tandis que 4 éleveurs disposent de grands cheptels dépassant les 200 moutons, ce qui constitue un élevage d'envergure

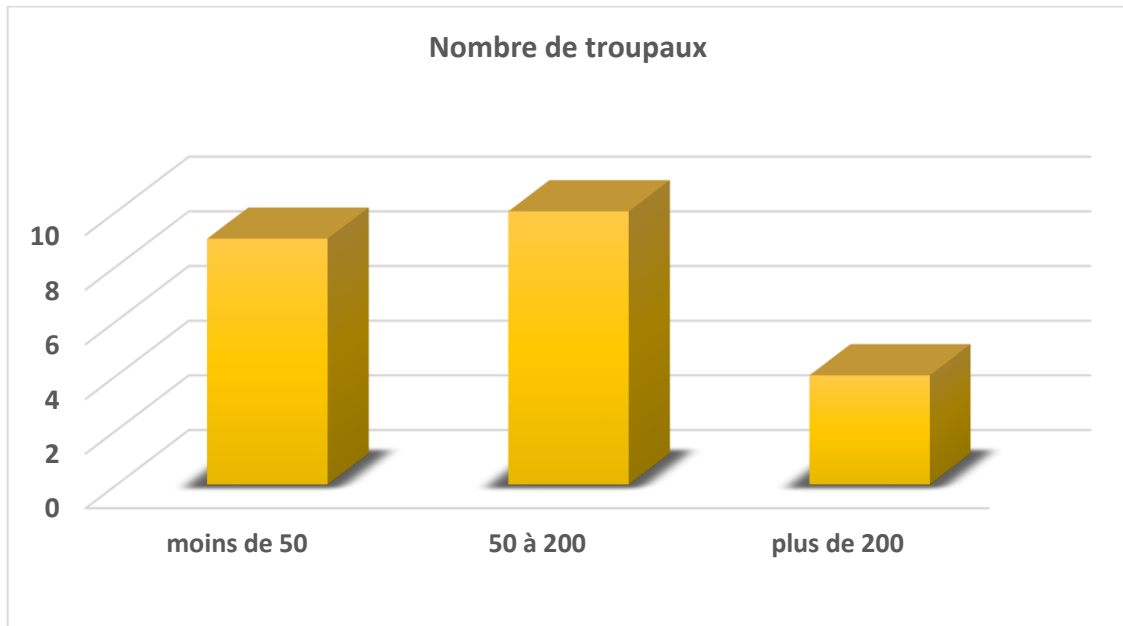


Figure 24. Nombre de troupeaux dans les fermes

En Algérie, les études montrent une large variabilité des tailles de troupeaux. L'étude de la wilaya de Naâma relève que « les troupeaux varient de quelques dizaines jusqu'à plusieurs centaines de têtes (plus de 600) dans certaines exploitations ». (**Gani, 2023**).

Dans la région de Chlef, l'étude de **Yakhlef and Taherti, (1999)** distingue trois catégories :

- des petits élevages familiaux s'appuyant majoritairement sur le pâturage (74 % des besoins alimentaires),
- des gros éleveurs fortement intégrés à la céréaliculture (40 % de fourrage distribué) et
- des élevages de subsistance (12 % de fourrage) selon les besoins alimentaires (pâturage vs fourrage) et donc vraisemblablement selon l'échelle. (**Yakhlef and Taherti ; 1999**)

b. Les races étudiées

Dans cette étude, nous avons travaillé sur sept races ovines algériennes, présentées dans la figure 25. Nous avons visité 23 éleveurs répartis comme suit : 5 pour la race Rembi, 4 pour Hamra, 5 pour Tazegzawet, 6 pour Ouled Djellal, et 1 éleveur respectivement pour les races D'men, Sidaoen et Ifilène.

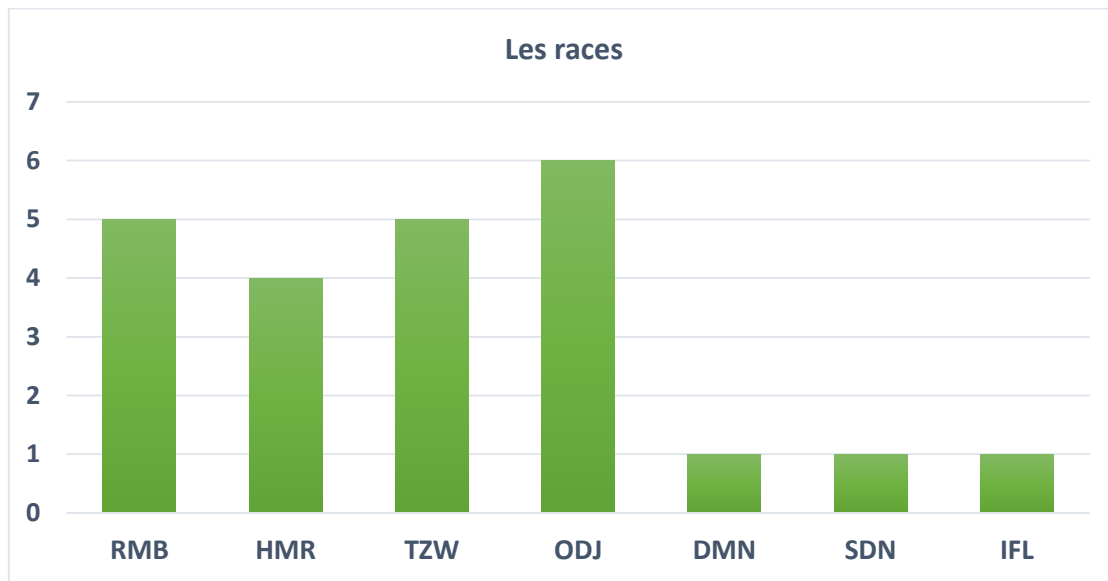


Figure 25. Représentation de nombre d'éleveur pour chaque race

Cette diversité raciale est intéressante et permet de couvrir à la fois des races de grande envergure (comme Ouled Djellal) et des races plus marginales ou en danger (Tazegzawet, Ifilène). Cela permet d'analyser des différences de systèmes d'élevage selon la race, et l'adaptation.

Aissaoui (2022) mentionne que le cheptel ovin algérien est composé de plusieurs races de faible productivité mais bien adaptées aux conditions des différentes régions naturelles.

Cependant, un point à souligner : la représentation très faible (1 seul élevage) pour certaines races (D'men, Sidaoen, Ifilène) peut limiter la robustesse des analyses comparatives.

c. La pureté des races étudiées

La figure 26 illustre la pureté des races, c'est-à-dire si les individus appartiennent à des races pures ou croisées. Nous avons essayé de sélectionner un maximum d'individus de races pures, tout en prenant en compte des recherches qui indiquent la présence de races pures et non consanguines. Comme le montre le diagramme circulaire, 65 % des individus sont issus de races pures, tandis que 35 % sont des races croisées avec d'autres.

Ce taux de pureté (65 %) indique une majorité de races pures dans l'échantillon, ce qui est intéressant pour des travaux sur races locales et chaîne de valeur. Le fait que 35 % soient des croisements correspond au constat fréquent en Algérie d'un métissage anarchique des races locales, comme signalé dans la littérature. Par exemple, **Aissaoui (2022)** relève que la plupart des races sont peu productives ... la pression économique conduit les agriculteurs à réaliser des croisements anarchiques (croisements non planifiés) ».

Ce point met en lumière une tension : d'un côté, on souhaite préserver la pureté des races locales (pour leur valeur génétique, leur adaptation et leur patrimoine), d'un autre côté, des croisements peuvent être réalisés pour améliorer les performances (au risque toutefois de perdre en diversité). Le taux de 35 % de croisements pourrait avoir un impact sur les résultats de performances ou de qualité dans votre chaîne de valeur.

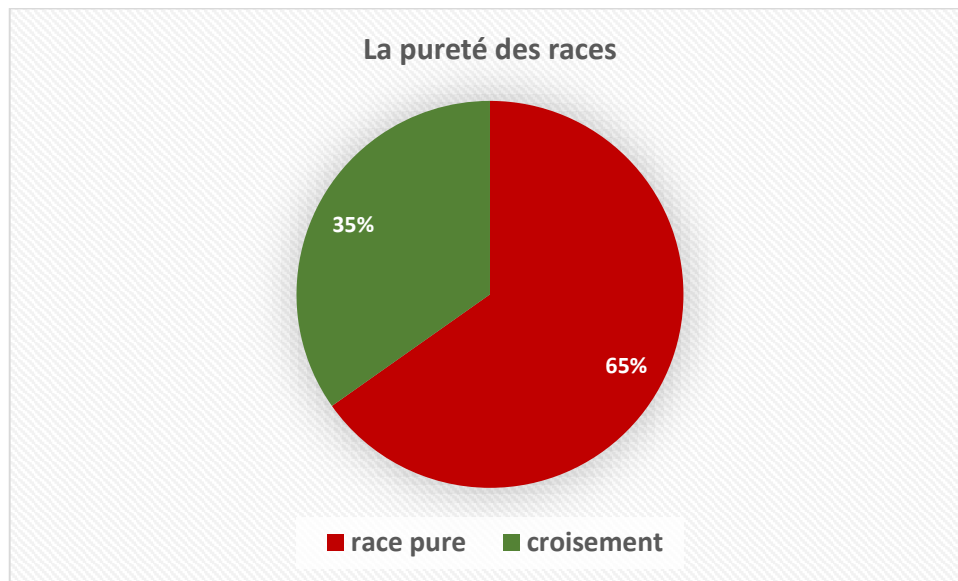


Figure 26. La pureté des races

Dans une étude d'identification des races ovines en Algérie, réalisée à l'Université de Tlemcen, il est mentionné que l'introgession des traits de résistance par la race indigène constitue un phénomène courant résultant des croisements entre races locales et exotiques (**Boukhechem, 2020**). Ce processus d'hybridation non contrôlé a contribué à une érosion progressive de la pureté génétique de certaines populations ovines locales, notamment chez les races Ouled Djellal et Rembi (**Mouhous, 2021**)

De plus, plusieurs travaux ont signalé que certaines races locales, comme la Tazegzawet, la Hamra ou la D'men, sont actuellement menacées de dilution génétique ou de remplacement par d'autres populations plus productives, souvent issues de croisements intensifs (**Laoun et al. 2017**) (**Chehma and Chibani, 2018**)

Ainsi, un taux de 65 % d'animaux considérés comme « purs » demeure relativement encourageant dans ce contexte de pression génétique. Il serait toutefois pertinent de préciser les critères de pureté utilisés ; qu'ils soient fondés sur les origines déclarées par l'éleveur, les caractères morphologiques (profil céphalique, pigmentation, format corporel), ou les marqueurs génétiques (**Laoun et al. 2018**). Une comparaison entre les élevages publics et privés pourrait également révéler des différences notables dans la gestion de la sélection et la conservation de la pureté raciale (**Bensalem et al, 2022**).

d. Le nombre des moutons étudié

Nous avons prélevé un nombre variable d'échantillons pour chaque éleveur (figure 27) : entre 5 et 10 moutons pour 8 éleveurs, entre 10 et 15 pour 6 éleveurs, entre 15 et 20 pour 4 éleveurs, et entre 20 et 40 pour 5 éleveurs. Cela signifie que nous avons veillé à prélever un minimum de moutons par éleveur afin de limiter les risques de consanguinité entre les individus.

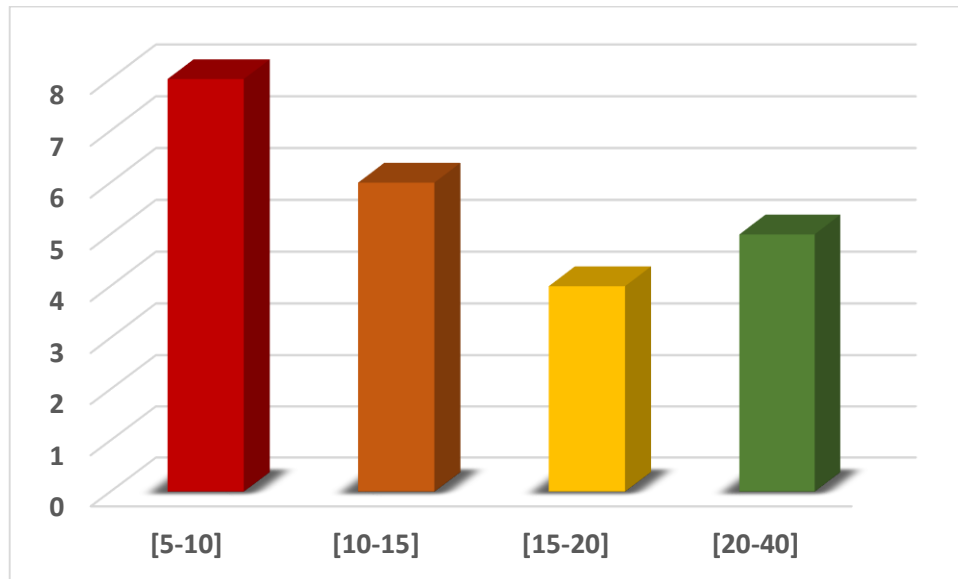


Figure 27. Représentation de nombre d'échantillons pour chaque éleveur

Cette stratification montre une bonne gestion de l'échantillonnage : elle permet de couvrir des exploitations de différentes tailles et d'éviter des biais liés uniquement aux très petits ou très grands troupeaux. L'effort de limiter les risques de consanguinité est pertinent dans une étude sur chaîne de valeur et races locales.

Dans la littérature algérienne, on retrouve que la taille moyenne des exploitations agricoles (mais pas forcément ovines seules) est faible : par exemple : 50 % des exploitations ont moins de 20 ha, taille moyenne ~8 ha » pour l'ensemble des exploitations agricoles. (**Djagro ; 2023**) Cela suggère que beaucoup d'élevages ovins sont de petite taille. Cependant, peu d'études algériennes donnent précisément le nombre d'animaux par élevage dans l'échantillonnage.

Benameur, (2018) ; dans son étude au niveau la région aride de Biskra ; a mentionné que de nombreux éleveurs ont des troupeaux modestes, mais sans chiffrer l'échantillon.

e. Présence d'autre élevage

La figure précédente (figure 28) représente l'élevage ovin plus d'autre élevage par exemple comme l'élevage caprins, volaille, et Chevaux, on remarque que la majorité des éleveurs ont des chiens dans leurs fermes car c'est une source de sécurité par rapport au cheptel, aussi un grand nombre des éleveurs qui ont un élevage de volaille, et des autres ont un élevage des caprins et deux éleveurs qui ont un élevage des chevaux, et personne qui fait l'élevage camelin.

Cette diversification de l'élevage est typique des systèmes de production en Algérie, où les exploitations combinent souvent plusieurs espèces ou activités pour maximiser les revenus ou la sécurisation du cheptel. Cela illustre que l'élevage ovin ne se fait pas isolément mais dans un système pluri espèces ou pluri activité. Cela peut avoir des impacts sur la gestion (temps, fourrages, risques sanitaires).

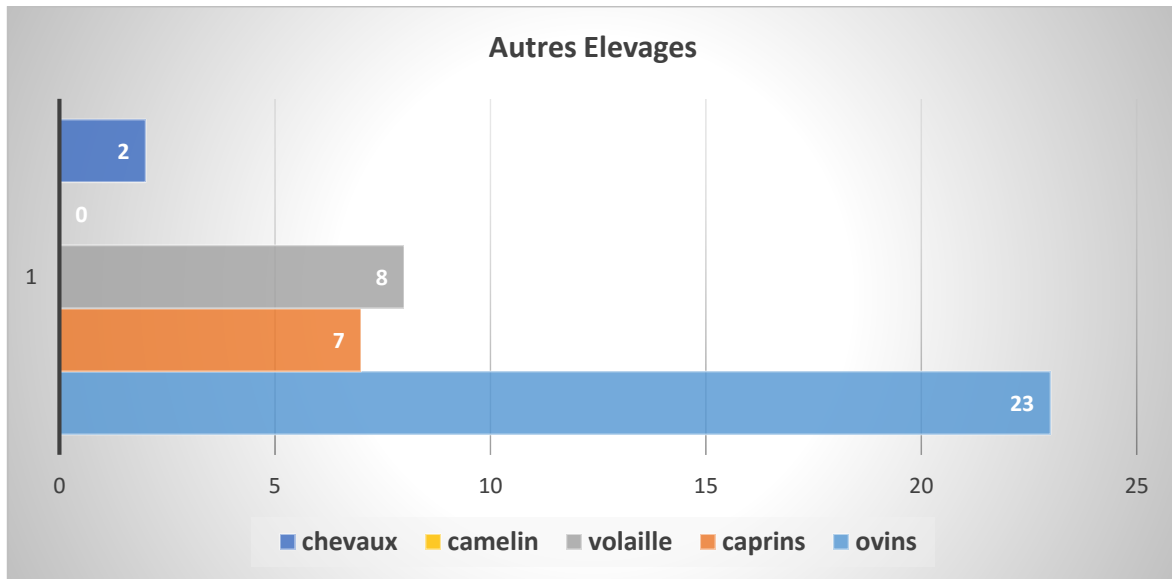


Figure 28. Présence d'autre élevage avec les ovins

f. But principal de l'élevage

La figure 29 représente l'objectif d'élevage de chaque éleveur. On remarque que la majorité des éleveurs élèvent des moutons dans le but d'obtenir une bonne production de viande, en travaillant sur leur cheptel pour l'achat et la vente des moutons, notamment pendant la période de l'Aïd el-Adha. En revanche, un nombre très réduit d'éleveurs élèvent des moutons principalement pour la production de lait, afin de consommer du lait bio d'origine animale. Personne n'utilise la laine des animaux, car la culture de consommation de la laine est délaissée. Enfin, certains éleveurs sont des amateurs, sans objectif particulier

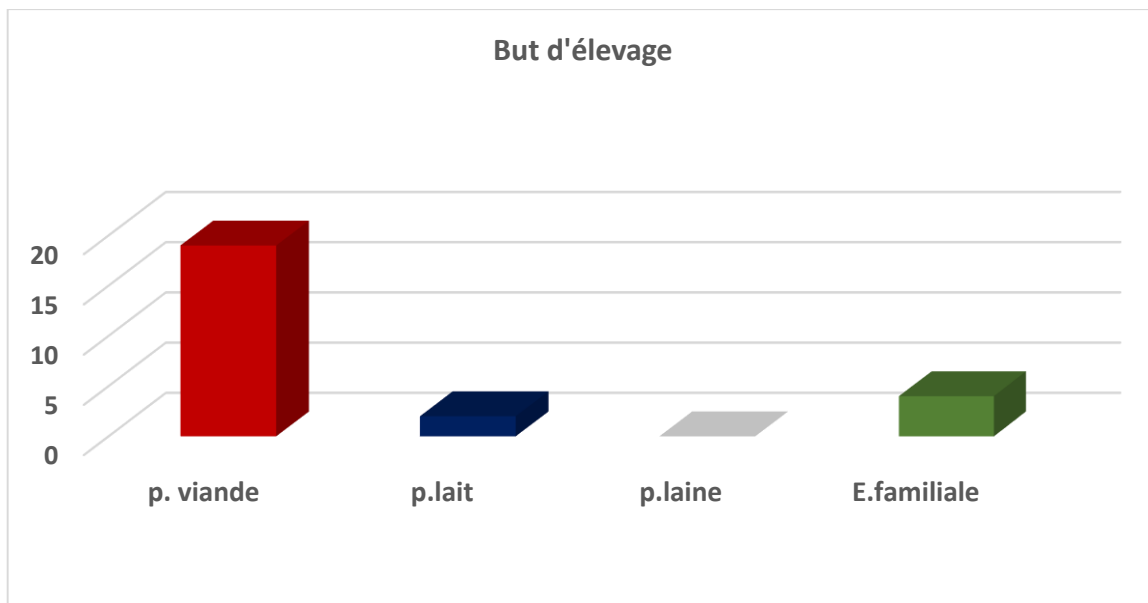


Figure 29. But d'élevages des éleveurs

En Algérie, l'orientation viande est largement dominante dans l'élevage ovin. Selon un rapport de FAO / MADR, le cheptel ovin assure environ 50 % de la production de viande du pays, et se concentre à près de 70 % dans la zone steppique. (FAO, 2024)

Selon **Sahli, (1987)** l'élevage ovin-viande est conduit au sein d'exploitations « céréales - élevage » dans la zone de steppe semi-aride.

De plus, (**Gaci ; 2023**), dans son étude dans la wilaya de Naâma, il est rapporté que l'élevage ovin représente la spéculation agricole la plus importante.

Enfin, l'usage de la laine est peu mentionné dans les travaux algériens récents, la laine étant désormais considérée comme un sous-produit « peu utilisé » dans l'industrie textile algérienne. (**El Bouyahiaoui; 2018**)

III.1.1.4. Conduite d'élevage

a. Mode d'élevage

La figure 30 présente les types d'élevages dans les zones étudiées. Nous avons constaté que la majorité des éleveurs utilisent un système semi-intensif, qui est le plus répandu car en hiver, les troupeaux sont rentrés et nourris avec des fourrages conservés. Ce système d'élevage permet également des agnelages tout au long de l'année.

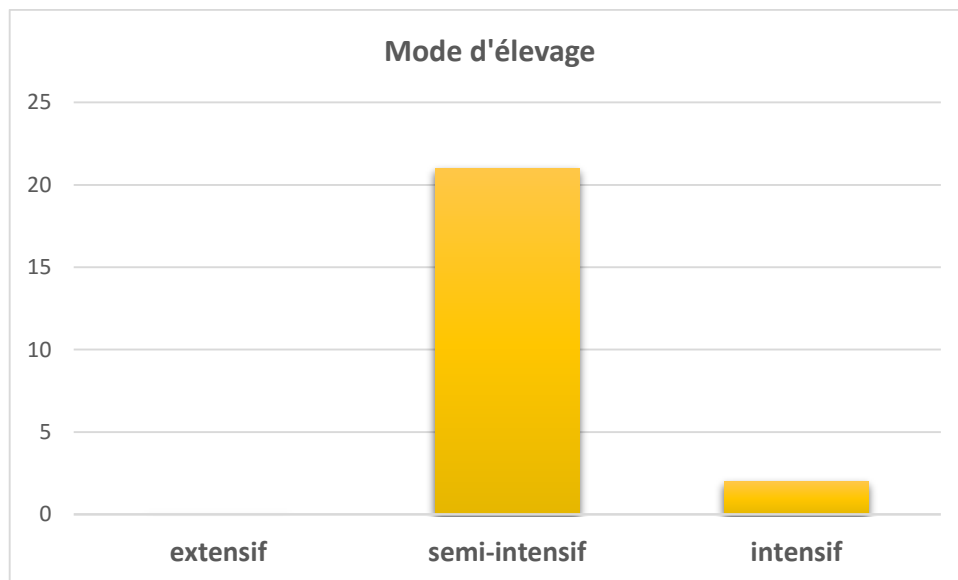


Figure 30. Mode d'élevage

En Algérie, plusieurs études montrent que le système extensif reste très présent, notamment dans les zones steppiques et pastorales. Par exemple, selon Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (IN FAO) et Centre International de Hautes Études Agronomiques Méditerranéennes (CIHEAM) concernant la zone de Aïn Oussara (région de Djelfa), la production ovine est dominée par un système de parcours collectifs dans lequel les troupeaux, souvent de 100 à 150 têtes pour les propriétaires, utilisent des parcours steppiques, sans forcément recours à un apport important en fourrages conservés ou alimentation contrôlée (**Medouni et al, 2004**).

Dans une autre étude, on mentionne que 75 % du cheptel ovin algérien se trouve dans la steppe et y est conduit en système essentiellement extensif, fortement dépendant de la végétation naturelle. (**Hichern et al, 2008**)

Ainsi, notre constat (absence d'extensif) semble différer de la situation algérienne classique où l'extensif reste significatif. Cela peut s'expliquer par le contexte géographique de notre étude (peut-être moins steppique, plus proche des exploitations, ou avec davantage de ressources fourragères) ou par une transition vers des systèmes plus intensifiés.

Par ailleurs, l'usage d'un système semi intensif comme dans notre cas se rapproche de ce que certaines études algériennes appellent « système agro pastoral » ou « semi sédentaire », notamment dans les zones de montagne ou de plaine où l'élevage est combiné à la culture et où l'alimentation repose à la fois sur pâturage et fourrage. Par exemple, dans la région de Chlef (Algérie), les élevages familiaux reposent à ~74 % sur la ressource pâturée, mais les gros élevages familiaux utilisent jusqu'à 40 % de fourrages/ aliments secs. (ASJP ; 2023)

Aucun éleveur n'utilise le mode extensif dans notre étude.

g. L'hygiène

Le diagramme (figure 31) représente l'état d'hygiène chez les éleveurs visités. En général, les fermes présentent un bon état d'hygiène, bien qu'un nombre significatif d'entre elles aient un état d'hygiène moyen, et que 2 éleveurs affichent une mauvaise hygiène.

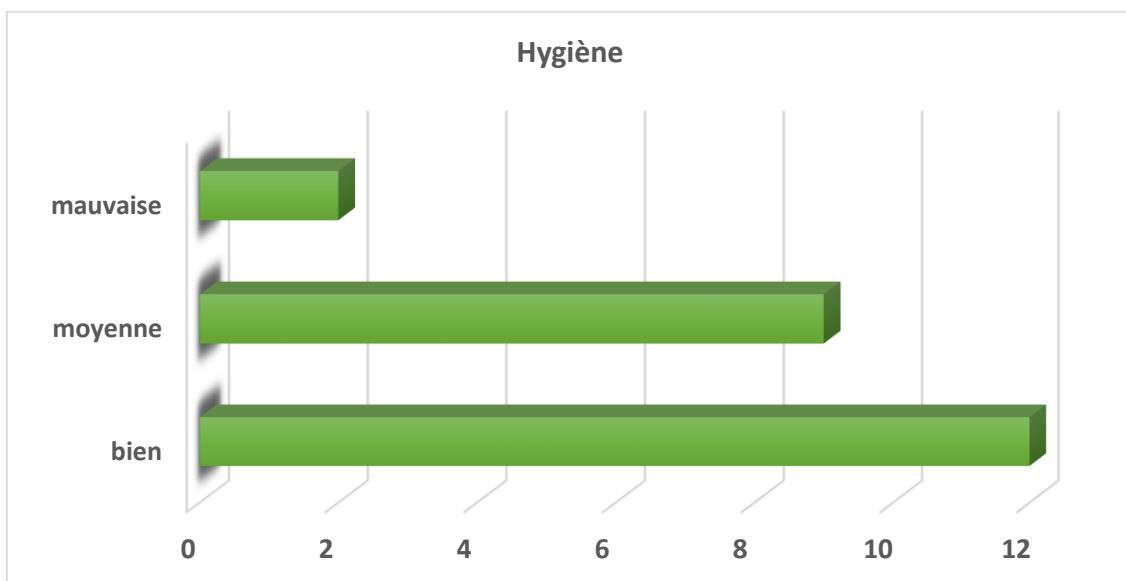


Figure 31. Etat d'hygiène des fermes étudiées

Les travaux algériens mentionnent des déficits dans la conduite technique, y compris l'hygiène. Par exemple, dans une étude agropastorale de Batna/Biskra rapportée par **Rahla, (2023)**, il est signalé que l'élevage ovin est mal géré tant sur le plan technique que fonctionnel et que la mortalité reste un paramètre à améliorer

De même, dans les systèmes steppiques, la faible productivité est en partie liée aux conditions d'élevage (logement, hygiène, alimentation) (**Gani, 2023**)

Atteindre et maintenir un haut niveau sanitaire dans un élevage permet de garantir un troupeau sain et performant. Cela participe également à la sécurité sanitaire des denrées alimentaires d'origine animale, protège l'éleveur, sa famille, les intervenants en élevage et les visiteurs contre les maladies zoonotiques transmissibles à l'homme, et limite la contamination du

troupeau ainsi que de la zone géographique environnante en cas d'épidémie, notamment par la réduction de la propagation de certains pathogènes. (**Guide des Bonnes Pratiques Ovines 2019**)

b. Les types d'aliments fournis aux ovins

Le diagramme suivant (figure 32) représente l'alimentation des ovins dans les fermes étudiées. Ce diagramme montre que la répartition entre l'herbe fraîche et les fourrages est équivalente. Certains éleveurs utilisent de l'herbe fraîche pour leur cheptel, car ils bénéficient d'un climat humide favorable à cette alimentation. En revanche, d'autres éleveurs, vivant dans un climat sec où l'herbe fraîche est difficile à trouver, se tournent davantage vers les fourrages. Peu de ces éleveurs pratiquent un élevage intensif. La majorité des éleveurs, cependant, adoptent une approche mixte, ce qui est logique, car ils utilisent un système d'élevage semi-intensif. Selon les éleveurs, le climat ayant évolué, l'alimentation a tendance à être plus sèche (fourrages) que fraîche. (Cause de la sécheresse).

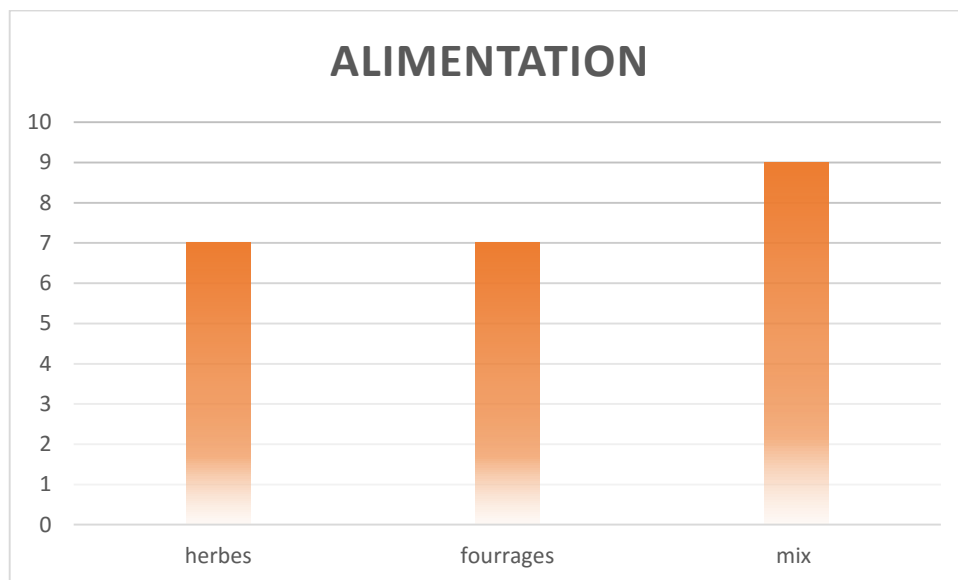


Figure 32. Les types d'alimentation

c. Recours à un vétérinaire

La figure 33 représente le pourcentage d'accès des vétérinaires aux fermes. On remarque que 74 % des éleveurs reçoivent des vétérinaires, tandis que les 26 % restants n'ont pas ce recours. Ces résultats sont quasi identiques avec celle de (**Tefiel et al.2023**) avec 70,25 % appel au vétérinaire.

La documentation spécifique sur le pourcentage d'éleveurs ovins en Algérie recevant un vétérinaire est limitée. Toutefois, on peut rapprocher ce point des travaux concernant l'épidémiologie et la gestion sanitaire des petits ruminants en Algérie :

Une étude sur la typologie des exploitations d'ovins en relation avec un potentiel risque de contamination par *Neospora caninum* dans la région centrale de l'Algérie sur 195 fermes

indique que le système d'élevage est majoritairement extensif/semi attaché, avec de petits effectifs (< 50 têtes) et des pratiques traditionnelles. (Saidi et al, 2018) Ces caractéristiques suggèrent que l'accès aux services vétérinaires pourrait être limité dans de tels contextes (petites exploitations, zone rurale).

Concernant la vaccination, l'étude sur la peste des petits ruminants (PPR) souligne qu'il n'existe pas de vaccination régulière à l'échelle nationale en Algérie, ce qui peut être lié à un accès vétérinaire ou programme de services mal structuré. (EKB ; 2015)

L'étude sur la brucellose dans les petits ruminants du nord de l'Algérie montre une très forte prévalence (54.2 % séropositifs) dans des flocs échantillonnés. (Frontiers ; 2024). Une telle situation révèle un besoin important de services vétérinaires pour dépistage, traitement, et prévention.

Il est pourtant essentiel d'avoir un vétérinaire, car il assure la prévention des maladies, la gestion de la nutrition et alimentation des animaux, ainsi que la mise en place de programmes de reproduction et de sélection (échographie, inséminations artificielles...). Il intervient également dans la conception des bâtiments et économie des exploitations, le programme des vaccinations, et dans le cadre de son mandat sanitaire : Missions de certification (échanges d'animaux vivants ou de denrées alimentaires) ; Mission de contrôle des denrées alimentaires (inspection des abattoirs). [Site web 4]



Figure 33. L'accès des vétérinaires aux fermes

d. Fréquence des soins vétérinaires

Comme on peut le constater dans la figure 34, la majorité des éleveurs visités assurent les soins de leur cheptel régulièrement, tandis que d'autres éleveurs ont fait les soins occasionnellement.

Dans l'étude de Saidi et al, (2018) sur 195 exploitations ovines dans la région centrale, la majorité des pathologies dominantes sont « parasitaires, respiratoires et reproductives » (96 % d'avortements présents) ce qui peut indiquer que les soins vétérinaires ne sont pas toujours réguliers ou efficaces.

Dans l'étude nationale menée en Algérie sur la Maedi-Visna (MVV) (une maladie virale chronique des moutons) dans les troupeaux ovins, une prévalence de 9,07 % a été observée, et l'analyse des facteurs de risque souligne l'importance cruciale d'une gestion sanitaire rigoureuse et d'un suivi vétérinaire adéquat (Idres et al. 2025). Concernant la vaccination, l'efficacité est qualifiée de « mild » pour certains vaccins, ce qui peut refléter un manque de rigueur dans le soin ou le suivi vétérinaire (Tazi et al. 2021).

Il est cependant essentiel de fournir à vos ovins et caprins tous les soins indispensables à leur hygiène et à leur santé, à travers des produits divers et variés, de qualité et surtout pratiques à utiliser. Ils vous seront d'une aide précieuse dans des activités telles que la tonte, l'écornage ou encore le soin des pieds. [Site web 5]

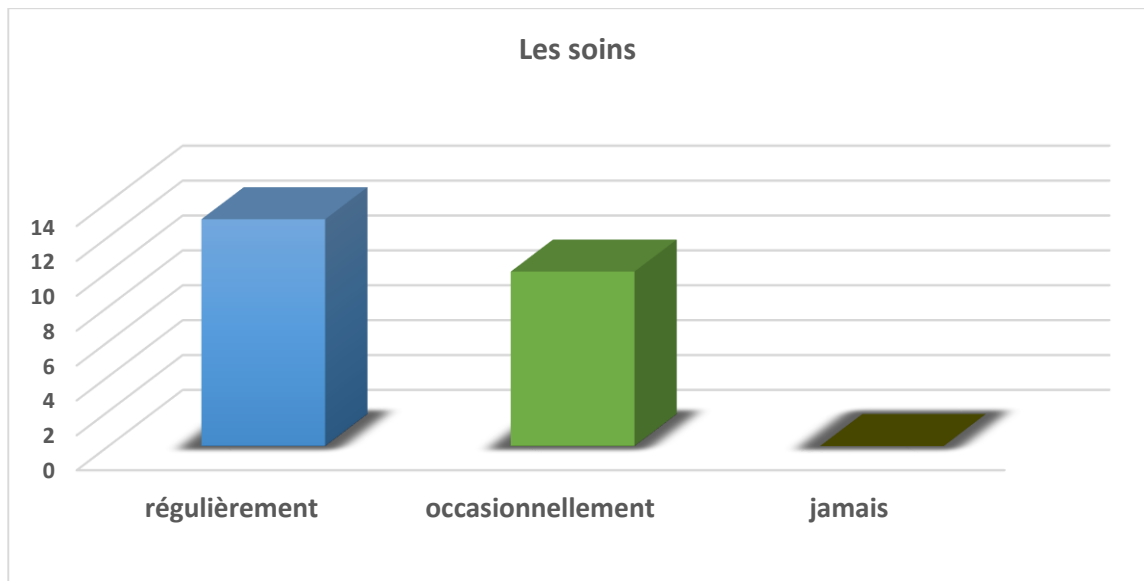


Figure 34. Les soins du cheptel

e. Pratique des vaccins

Le diagramme suivant (figure 35) représente le taux de vaccinations dans les fermes étudiées, on remarque que le nombre d'éleveurs ayant effectué la vaccination est équivalent à celui de ceux qui l'ont pratiquée de manière occasionnelle, tandis qu'un nombre réduit d'éleveurs n'ont pas effectué de vaccination.

L'étude sur la PPR en Algérie signale qu'il n'existe pas de vaccination régulière contre la PPR dans certaines régions. (EKB ; 2015). Ce qui suggère une couverture vaccinale faible ou irrégulière.

Une étude sur la variole ovine (Sheep pox) dans les troupeaux vaccinés en Algérie (2007-2016) a montré que les poussées d'épidémie persistaient (~44,9 foyers/an) et que la réponse humorale post vaccination était modérée (indice de neutralisation 0,73-1,22). Ceci suggère que la vaccination, même pratiquée, peut être sous optimale en raison de facteurs comme qualité du vaccin, suivi, couverture, ou contraintes logistiques. (Kali and Kardjadj; 2019).

Sur la brucellose, l'étude indique que la vaccination «Rev 1 vaccine» a été utilisée dans certains programmes depuis 2006 en Algérie, avec baisse de la prévalence animale et humaine dans la zone des hauts plateaux. (**Frontiers; 2024**)

Il est pourtant très important de vacciner les ovins car les vaccins contenant une ou plusieurs valences de différentes espèces de clostridies (anatoxines et/ou anacultures) sont destinés à protéger les bovins et les ovins contre les différentes affections causées par ces bactéries : tétanos, entérotoxémies, maladie du rein pulpeux, abomasite, myosites nécro-hémorragiques (charbon bactérien), hépatites nécrosantes et gangrène gazeuse. L'efficacité des vaccins multivalents est excellente chez les ovins (nouveau-nés, jeunes et adultes), pour autant que l'on respecte bien les instructions du fabricant et que les pathologies observées soient bien causées par l'un des toxintypes des espèces de clostridies incluses dans le vaccin. Sous ces conditions, les jeunes agneaux et veaux sont aussi protégés via l'immunité colostrale après vaccination de la mère. [**Site web 6**]

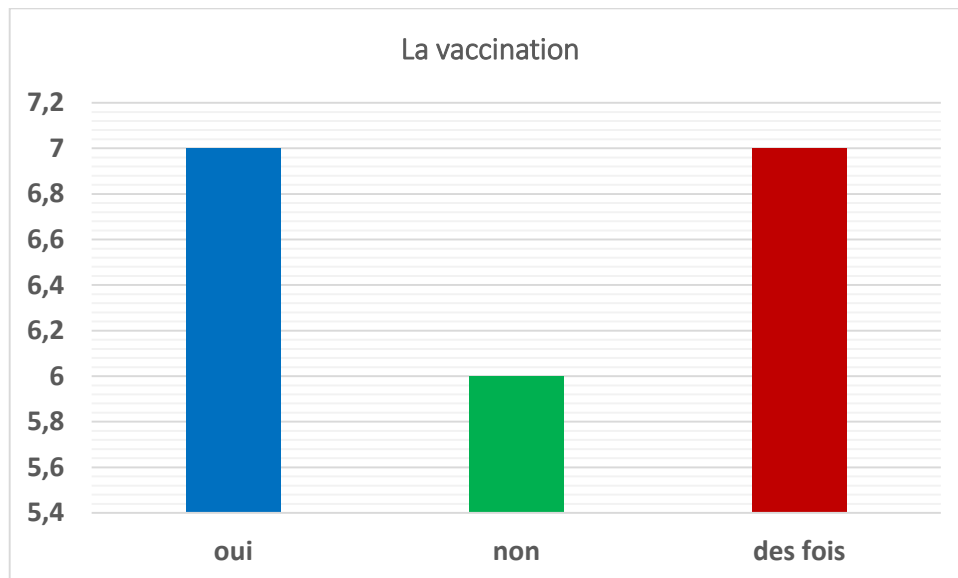


Figure 35. La vaccination des ovins

f. La reproduction

La figure 36 suivante présente le taux des males utilisés pour la reproduction dans les fermes étudiées. On remarque que 74% des éleveurs utilisent leurs propres males de cheptel pour le couplement. Cela peut entraîner plusieurs problèmes, notamment consanguinité, car un seule male se couple avec plusieurs femelle du même cheptel, ainsi que la propagation des maladies... ; En revanche, 26 % des éleveurs utilisent des males externe à leur cheptel, ce qui permet de réduire le taux de consanguinité. Cependant, cela peut également comporter des risques pour la pureté de la race, car des croisements entre races peuvent se produire, entraînant une perte de l'originalité de la race.

L'étude sur les caractéristiques reproductives des races locales de moutons dans la région saharienne de Béchar indique que la reproduction est caractérisée par accouplement libre, âge précoce au premier agnelage, et distribution non saisonnière des agnelages. Les taux observés : fertilité $\approx 91.69\%$, prolificité $\approx 110.51\%$, mortalité des agneaux $\approx 14.35\%$. (**Gaci and Niar,**

2020) Cela indique que bien que la gestion soit très traditionnelle, la reproduction atteint des niveaux intéressants, mais sans forcément sélection planifiée ou gestion optimisée des mâles externes.

Une étude consacrée à la biodiversité des races ovines algériennes souligne que les accouplements anarchiques (anarchic crossings) conduisent à une dispersion et à une érosion du capital génétique des races, ainsi qu'à une augmentation de la consanguinité dans les troupeaux. (Djaout et al. 2017).

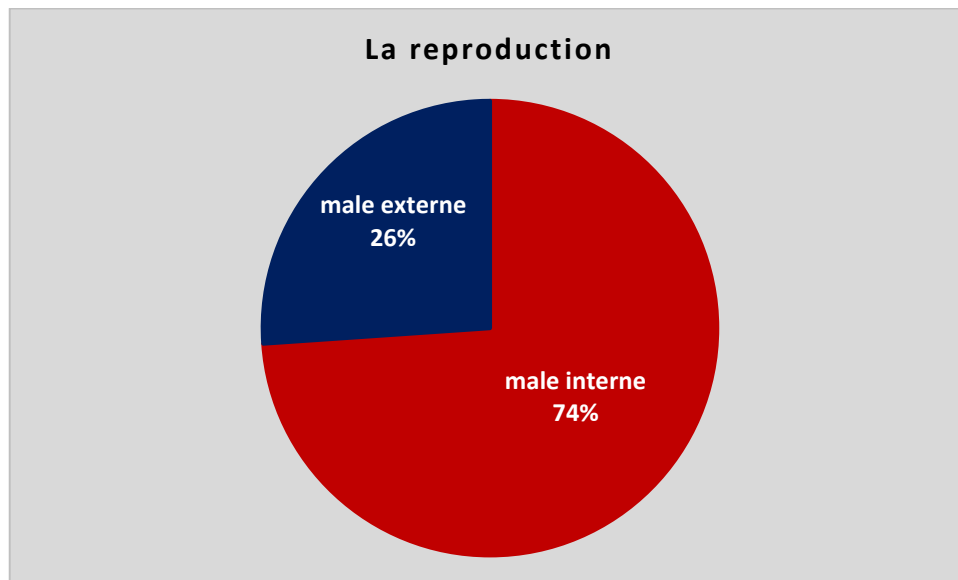


Figure 36. Le taux des mâles pour la reproduction

g. Recours à la sélection ou à l'amélioration génétique

La figure 37 suivante présente le pourcentage des éleveurs ayant respecté la sélection et l'amélioration génétique. On remarque que presque la majorité des éleveurs (78%) n'ont pas pris en compte l'aspect génétique de leur cheptel, tandis que 22% des éleveurs ont fait leur possible pour respecter cet aspect. Ces résultats sont convergent totalement avec les résultats de (Tefiel et al. 2023) se qui confirment l'absence d'effort de sélection.

Djaout et al. (2017) montrent que l'augmentation de la consanguinité dans les troupeaux et une diminution des rendements sont dues à des croisements anarchiques et à une gestion génétique faible. Cela va dans le sens de vos 78 % d'éleveurs ne recourant pas à l'amélioration.

Aucun chiffre précis n'a été trouvé (dans nos recherches) quant au pourcentage d'éleveurs algériens qui recourent à la sélection ou à l'amélioration génétique, mais les constats généraux montrent que cette dimension est encore peu exploitée.

Pourtant, l'application de la génétique animale dans l'élevage a conduit à des améliorations notables. Les éleveurs utilisent la sélection génétique pour obtenir des animaux qui produisent plus de lait ou une viande de meilleure qualité. De même, la résistance aux maladies et la capacité d'adaptation aux conditions climatiques extrêmes deviennent des caractéristiques de plus en plus recherchées face aux défis environnementaux actuels. Tout en poursuivant l'amélioration génétique, il est vital de maintenir la diversité génétique au sein des populations

animales. Cette diversité est un gage de bonne santé des populations et une assurance contre les risques liés aux maladies et aux changements environnementaux. La conservation des races locales et la protection des ressources génétiques animales forment le socle de systèmes agricoles résilients et durables. [Site web 7]

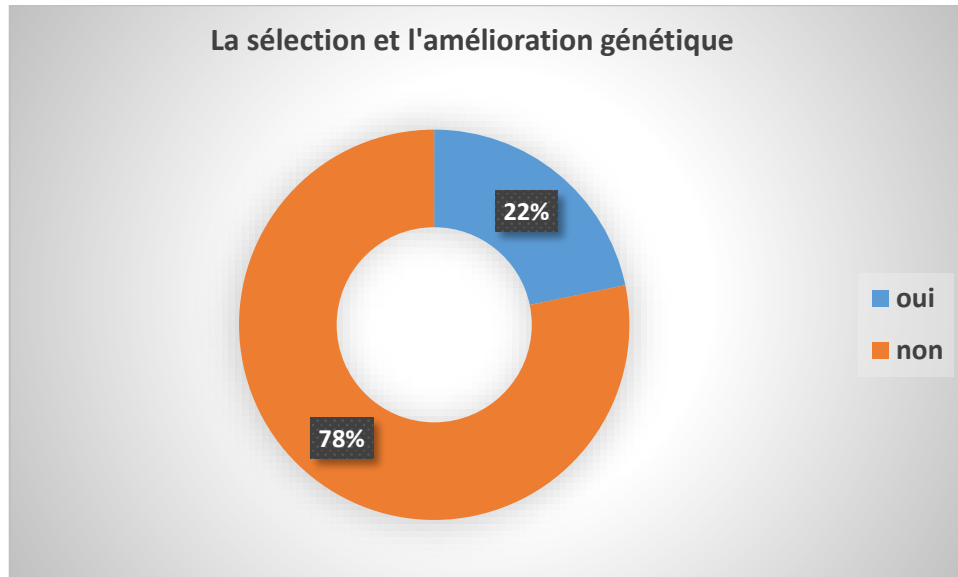


Figure 37. Le taux de respect de la sélection et de l'amélioration génétique dans les troupeaux

III.1.2. Analyse des informations collectées

III.1.2.1. Analyse factorielle des composants (AFC) :

La représentation graphique présente un taux d'inertie égale à 49.25% dont Dim 1 qui est la dimension principale 26.02% et Dim 2 représenté par 23.23% ; le pourcentage d'inertie proposé par l'AFC est validé pour une interprétation statistique $\approx 50\%$; d'après l'AFC on a remarqué qu'il y a 4 clusters dont :

- ✚ **Cluster 1 (en vert):** représente le centre de cluster c'est le type de ferme qui est influencé par la vaccination, hygiène ; les soins ; bâtiments d'élevage ; statuts d'éleveurs ; accès des vétérinaires ; but d'élevage ; la reproduction ; la race ; la pureté des races ; la sélection et l'amélioration génétique et l'accueil des éleveurs.
- ✚ **Cluster 2 (en rose):** représente un centre de cluster qui est la pratique d'élevage qui est influencé par l'alimentation ; nombre de troupeaux ; la superficie et le niveau scolaire.
- ✚ **Cluster 3 (en bleu):** représente le type d'élevage influencé par le nombre des moutons et les ressources hydriques.
- ✚ **Cluster 4 (en jaune):** représente le paramètre d'autres élevages qui est un out cluster.

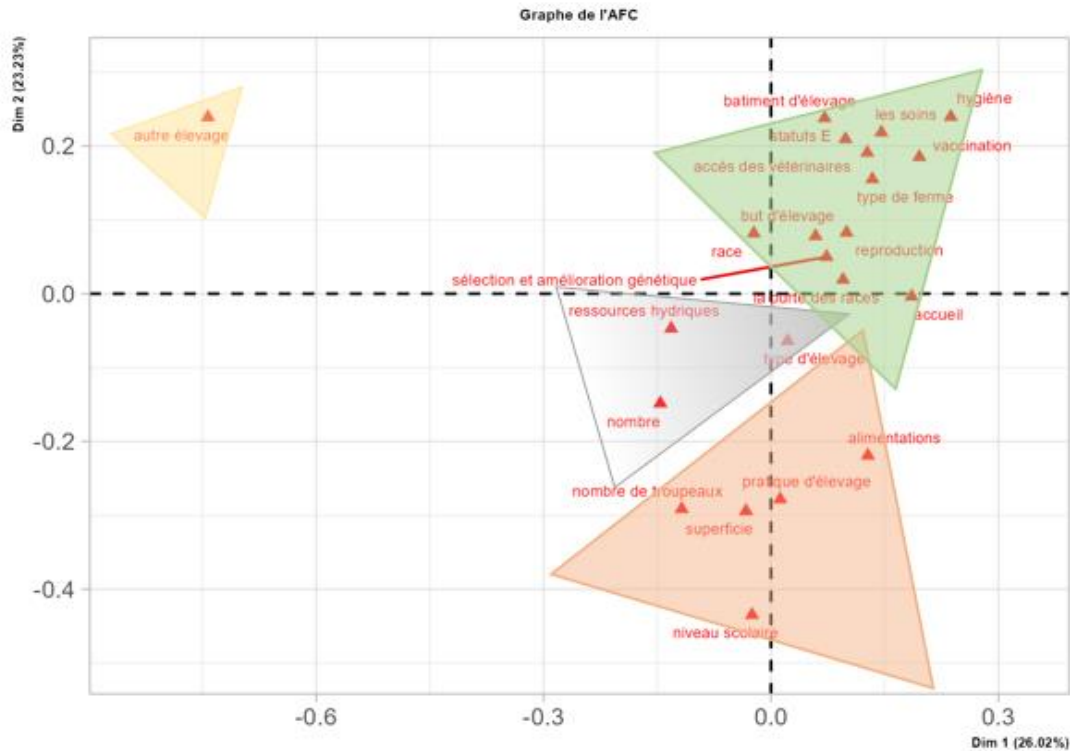


Figure 38. Représentation graphique d'AFC

Dans le contexte algérien, plusieurs travaux explorent la typologie des élevages ou des pratiques d'élevage par des analyses multivariées. Par exemple, Caractéristiques des élevages ovins de la steppe centrale de l'Algérie en relation avec l'aridité du milieu : cas de la wilaya de Djelfa (Yabrir et al. 2015) ont classé les élevages en plusieurs « classes » via une CAH (classification ascendante hiérarchique) en relation avec l'étage bioclimatique. Cette étude montre que des variables telles que l'âge de l'éleveur, la composition du troupeau, le type de stabulation, l'hygiène du bâtiment et l'objectif de l'élevage varient significativement d'un étage à l'autre (Yabrir et al. 2015).

Une autre étude, Diversité des stratégies d'adaptation des agropasteurs ovins face aux situations d'incertitude en territoires steppiques : cas de la région d'El-Guedid (Djelfa-Algérie) (Kanoun et al. 2017) utilise l'AFC pour approcher la diversité des systèmes d'élevage et identifie des facteurs communs de différenciation. Ces travaux confirment l'importance d'une typologie structurée des systèmes d'élevage ovins en milieu steppique algérien.

III.1.2.2. CAH

La figure 39 présente une représentation graphique de la classification hiérarchique CAH des éleveurs ; on a remarqué 2 clusters et 4 sous-cluster qui regroupent les éleveurs qui ont les mêmes conditions et presque les mêmes paramètres qui sont des éleveurs privé et des fermes étatiques dont :

- Cluster 1 : regroupe 7 éleveurs qui sont tous des éleveurs privés qui ont utilisé le même type d'élevage et ont les mêmes conditions pour leurs troupeaux que ce soit pour les soins, la vaccination, l'accès au vétérinaire....

- ✚ **Cluster 2** : regroupe 10 éleveurs qui sont aussi des éleveurs privé qui ont utilisé le même type d'élevage aussi et ont les mêmes conditions d'élevage concernat la superficie, l'hygiène, la pratique d'élevage...
- ✚ **Cluster 3** : regroupe 5 éleveurs qui sont des fermes étatiques qui ont travaillé de la même façon et utilise le même type d'élevage vu que sont étatique donc ont la même superficie pour leur élevage, des soins régulièrement pour leur troupeaux, un accès régulière pour les vétérinaires, la pureté des races, le même mode de reproduction....
- ✚ **Cluster 4** : représente un seul éleveur qui est un éleveur qui diffère de tous autres éleveurs concernant le type d'élevage et d'autres paramètres par exemple l'hygiène est faible, le nombre de troupeau est petit, n'y a pas des soins pour le troupeau....

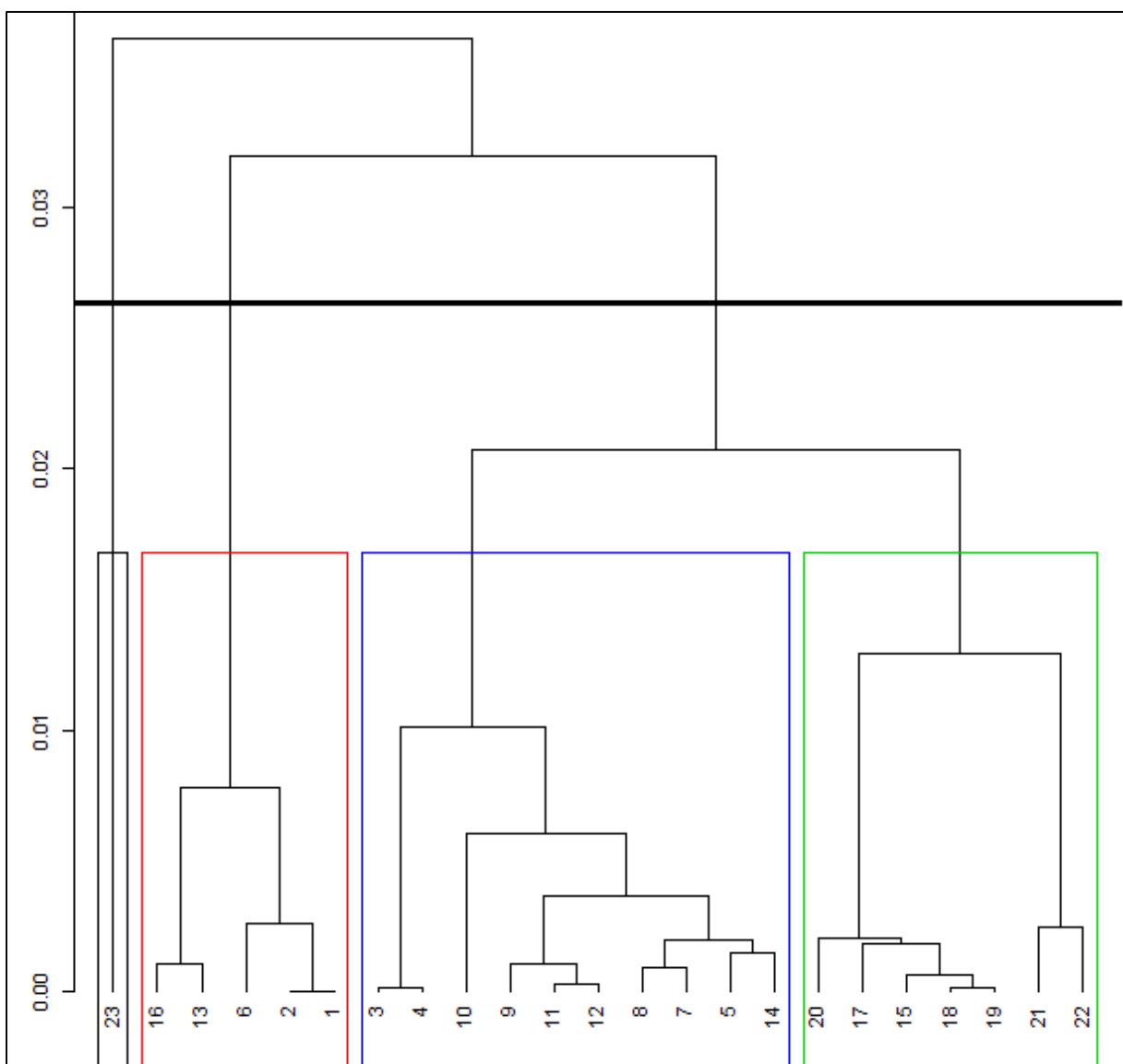


Figure 39. Représentation graphique de CAH

III.1.2.3. Khi-deux :

D'après le tableau 06 on Remarque que le p value <0.05 c'est significatif donc il y a une influence entre les statuts d'éleveurs et le type d'élevage car d'après ces statuts (amateur ou professionnel) ils peuvent maîtriser bien les types d'élevage aussi un p value<0.05 c'est significatif donc la pratique d'élevage influence sur le type d'élevage car si la durée de pratique est long il y'a une bonne expérience dans le domaine et le contraire c'est correct.

On remarque un p value>0.05 c'est non significatif pour le type de ferme, la race, le nombre de moutons, la pureté des races, le niveau scolaire des éleveurs, d'autre élevage, la superficie, le bâtiment d'élevage, l'hygiène, les ressources hydriques, le nombre de troupeaux, le but d'élevage, l'alimentation, les soins, la vaccination, la reproduction, et l'amélioration génétique cela veut dire qu'il n'y a aucune influence entre le type d'élevage et ces critères d'élevage.

Dans les travaux algériens, on retrouve aussi l'usage de tests statistiques pour établir des liens entre pratiques d'élevage et variables structurelles ou contextuelles. Par exemple, l'étude menée par **Yabrir et al, (2015)** sur les élevages ovins en steppe centrale (Wilaya de Djelfa) montre que l'étage bioclimatique (milieu) a une influence significative (p < 0,001) sur plusieurs variables d'élevage : âge de l'éleveur, composition du troupeau, type de stabulation, hygiène, objectif de l'élevage (**Yabrir et al. 2015**)

Tableau 6. khi-deux entre le type d'élevage et les autres critères d'élevage

Variable	P value	Signification
les statuts d'éleveurs	0.043	*
la pratique d'élevage	0.006	**
le type de ferme	0.435	ns
la race	0.096	ns
le nombre de moutons	0.686	ns
la pureté des races	0.280	ns
le niveau scolaire	0.250	ns
autre élevage	0.665	ns
la superficie	0.320	ns
le bâtiment d'élevage	0.495	ns
l'hygiène	0.064	ns
les ressources hydriques	0.087	ns
le nombre de troupeaux	0.182	ns
le but d'élevage	0.738	ns
l'alimentation	0.604	ns
les soins	0.092	ns
la vaccination	0.558	ns
la reproduction	0.379	ns
l'amélioration génétique	0.435	ns

III.2. Caractérisation morphométrique des populations d'ovin en Algérie

III.2.1. Analyses descriptives (Mensurations corporelles et indices corporels)

Le tableau 07 fournit des détails complets sur la moyenne et l'écart type de 17 mesures corporelles en centimètres pour chaque race, offrant une analyse comparative approfondie de ces mesures.

Tableau 7. Moyenne, écart type et ANOVA à un facteur avec Tukey-HSD des 17 mesures corporelles pour les 7 races étudiées.

BM	HMR N = 56	RMB N = 55	TZW N = 55	ODJ N = 57	SDN N = 30	IFN N = 25	DMN N = 55	p-value
HW	63.79±5.32 ^a	74.55±5.68 ^b	73.69±4.45 ^b	84.32±6.01 ^c	73.87±3.99 ^b	75.34±3.47 ^b	74.85±4.37 ^b	***
HB	60.52±4.57 ^a	72.25±4.97 ^b	71.45±4.53 ^b	80.25±4.66 ^c	71.40±3.61 ^b	70.20±3.27 ^b	71.95±4.08 ^b	***
HR	60.98±4.79 ^a	72.71±5.07 ^b	73.31±3.80 ^b	82.77±5.51 ^c	73.37±3.79 ^b	74.04±3.61 ^b	74.35±3.87 ^b	***
CH	27.29±2.95 ^a	31.80±2.97 ^b	34.22±3.16 ^d	39±3.28 ^c	32.53±1.62 ^{b,d}	33.62±2.36 ^d	32.76±2.32 ^{b,d}	***
SIL	80.02±6.12 ^b	90.91±6.21 ^d	86.62±8.78 ^c	89.5±7.02 ^{c,d}	73.95±3.45 ^a	76.42±4.13 ^{a,b}	77.70±5.53 ^{a,b}	***
PW	23.32±2.20 ^a	27.40±2.64 ^c	25.18±1.83 ^b	30.01±2.86 ^d	23.20±1.65 ^a	23.82±2.66 ^{a,b}	23.96±2.36 ^{a,b}	***
HL	22.61±1.67 ^a	24.13±1.67 ^b	27±2.42 ^c	26.15±2.42 ^c	22.75±1.06 ^a	24.60±1.56 ^b	24.28±1.27 ^b	***
HdW	13.86±1.51 ^c	14.51±1.02 ^c	13.87±1.73 ^c	10.47±1.21 ^b	9.65±0.76 ^a	10.08±0.81 ^{a,b}	9.85±0.95 ^{a,b}	***
EL	13.11±0.93 ^a	17.64±1.44 ^b	17.95±1.82 ^{b,c}	20.62±1.78 ^c	13.57±2.27 ^a	20.06±1.97 ^c	17.20±3.08 ^b	***
EW	6.96±0.54 ^a	8.84±0.69 ^c	8.65±0.89 ^b	10.44±0.92 ^d	6.65±1.07 ^a	9.02±0.70 ^c	8.18±1.14 ^b	***
SW	16.89±2.34 ^a	18.13±1.84 ^{a,b}	21.42±2.84 ^d	22.96±2.83 ^c	18.18±1.74 ^{a,b}	19.76±1.77 ^c	19.55±1.87 ^c	***
HpW	20.05±1.92 ^c	24.15±2.18 ^d	23.67±1.91 ^d	17.54±1.70 ^{a,b}	16.92±2.19 ^a	18.38±2.14 ^b	17.09±1.69 ^a	***
TW	18.25±1.61 ^a	20.64±2.08 ^b	23.71±3.41 ^d	27.68±2.94 ^e	21.68±2.23 ^{b,c}	23.16±2.81 ^{c,d}	23.21±2.55 ^{c,d}	***
IW	17.71±1.79 ^d	16.93±3.38 ^d	17.65±1.99 ^d	12.33±1.99 ^c	9.47±1.50 ^a	10.16±1.58 ^{a,b}	10.97±1.13 ^b	***
HG	87.96±8.18 ^{a,b}	97.60±6.96 ^{d,e}	101.07±8.16 ^e	107.81±8.21 ^f	85.43±5.53 ^a	91.28±4.97 ^{b,c}	93.75±6.79 ^{c,d}	***
AC	95.82±10.27 ^a	109.96±7.6 ^c	118.67±10.0 ^d	129.25±13.1 ^e	99.42±7.78 ^{a,b}	105.50±7.8 ^{b,c}	108.18±8.4 ^c	***
CC	7.41±0.73 ^a	8.38±0.73 ^b	8.89±0.74 ^c	9.07±0.98 ^c	7.17±0.51 ^a	7.98±0.64 ^b	7.95±0.61 ^b	***

BM : mensurations corporelles, N : nombre d'échantillons, p : probabilité ; *** : différence très hautement significative, mêmes lettres : pas de différence significative, lettres différentes : différence significative, HMR : Hamra, RMB : Rembi, TZW : Tazegzawt, ODJ : Ouled Djellal, SDN : Sidaoun, IFN : Ifilene, DMN : D'man.

III.2.1.1. Mensurations corporelles

Les mensurations corporelles sont la base des grilles de notation d'une race donnée, certaines d'entre elles (tour de poitrine, hauteur au garrot, profondeur de poitrine, etc.) permettent d'estimer le poids vif (Afolayan et al, 2006 ; Djaout et al, 2012 ; Dekhili et Aggoun, 2013 ; Suhaila et al, 2013) ce qui permet d'estimer le potentiel de production d'un animal (suivi de la croissance, de l'engraissement, etc.) (Jafari, 2014) ou de déterminer les doses pour un traitement vétérinaire.

Elles peuvent également être utilisées pour estimer les caractéristiques de la carcasse d'agneau (Abdel-Moneim, 2009) qui, à leur tour, influencent les performances ovines (Abbasi et Ghafouri-Kesbi, 2011).

Elles sont également utiles pour l'estimation des paramètres génétiques pour différents poids vifs (Abbasi et Ghafouri-Kesbi, 2011 ; Jafari, 2014 ; Jafar et al., 2014) et surtout pour la

caractérisation morphologique et ethnique (FAO, 2013) des races ovines (Esquivelzeta et al., 2011 ; Handiwirawan et al., 2011 ; Melesse et al., 2013 ; Djaout et al., 2015).

Dans notre étude, la race Ouled Djellal présente systématiquement les plus grandes dimensions corporelles parmi les races analysées, avec notamment une hauteur au garrot (HW) de $84,32 \pm 6,01$ cm, une hauteur au dos (HB) de $80,25 \pm 4,66$ cm et un périmètre thoracique (HG) de $107,81 \pm 8,21$ cm. Ces résultats confirment la grande taille et la robustesse caractéristiques de cette race, comme déjà rapporté dans plusieurs travaux algériens qui décrivent Ouled Djellal comme la race la plus volumineuse du pays (Belharfi et al, 2019 ; Djaout et al, 2020 ; Gaouar et al, 2017 ; Afri-Bouzebda et al, 2024).

À l’opposé, les races Hamra et Sidaoun se distinguent par des mensurations significativement plus faibles. La Hamra présente ainsi une hauteur au garrot réduite $63,79 \pm 5,32$ cm et une circonférence abdominale inférieure $95,82 \pm 10,27$ cm, tandis que la race Sidaoun affiche un périmètre thoracique $85,43 \pm 5,53$ cm et une circonférence canonique $7,17 \pm 0,51$ cm parmi les plus faibles observées. Ces valeurs confirment les travaux de Tefiel et al. (2021) qui décrivent la Hamra comme une race légère et frêle, ainsi que ceux de Djaout et al. (2018) qui mentionnent pour Sidaoun des hauteurs au garrot inférieures à 70 cm. Ces résultats rejoignent également les observations de Belharfi et al. (2019) soulignant la petite taille des races steppiques.

Les races Rembi, Ifilene et Tazegzawt se situent, quant à elles, dans une position morphologique intermédiaire, avec des mensurations modérées. La Rembi présente une longueur scapulo-ischiale de $90,91 \pm 6,21$ cm, tandis que l’Ifilene atteint une hauteur au dos de $70,20 \pm 3,27$ cm, et la Tazegzawt une hauteur de croupe de $73,31 \pm 3,80$ cm. Ces observations rejoignent les conclusions de Gaouar et al. (2015) et celles de Tefiel et al. (2019), plaçant ces races dans un groupe intermédiaire sur le plan phénotypique, entre la grande stature de l’Ouled Djellal et les morphotypes réduits des races steppiques.

Les résultats de l’ANOVA et du test post hoc de Tukey-HSD confirment ainsi l’existence de différences morphométriques significatives entre les races étudiées, où Ouled Djellal domine la majorité des variables mesurées, Hamra et Sidaoun se positionnent à l’extrémité basse, et Rembi, Ifilene et Tazegzawt occupent un niveau intermédiaire. Cette structuration phénotypique concorde avec les synthèses nationales sur les races ovines, attestant d’une diversité morphologique notable au sein du cheptel algérien (Gaouar et al, 2017).

III.2.1.2. Indices corporels

L’ANOVA des indices corporels zootechniques par race est présentée dans le tableau 08.

Les indices céphaliques, thoraciques, pelviens et corporels sont ethnologiques, donnant des informations générales sur les caractéristiques de la race en décrivant la structure de l’animal et ses proportions (compactité, hauteur, longueur et longueur du corps) (Djaout et al, 2018).

Les autres indices sont fonctionnels et renseignent sur les performances de l’animal (type, aptitude et production) (Esquivelzeta et al, 2011). Il peut être utile de suggérer que les indices produits à partir de mesures corporelles plus étroitement associées à la structure osseuse sont

des indices fonctionnels, tels que la longueur de l'avant-bras, la taille et l'indice de longueur qui sont plus adaptés à l'évaluation du type d'animal (**Salako, 2006**).

Tableau 8. Indices zootechniques

Indices	HMR N = 56	RMB N = 55	TZW N = 55	ODJ N = 57	SDN N = 30	IFN N = 25	DMN N = 55	p
CI	0.61±0.05	0.60±0.04	0.51±0.06	0.40±0.03	0.42±0.03	0.41±0.03	0.40±0.03	***
BI	0.91±0.04	0.93±0.05	0.86±0.10	0.83±0.04	0.86±0.06	0.83±0.04	0.83±0.07	***
LI	1.25±0.08	1.22±0.08	1.17±0.10	1.06±0.05	1.003±0.06	1.01±0.03	1.04±0.08	***
DT	0.42±0.03	0.42±0.04	0.46±0.04	0.46±0.02	0.44±0.02	0.44±0.02	0.43±0.02	***
WS	1.20±0.14	1.34±0.13	1.12±0.15	0.76±0.07	0.93±0.14	0.93±0.12	0.87±0.09	***
TD	1.38±0.09	1.31±0.07	1.37±0.11	1.28±0.08	1.15±0.09	1.21±0.05	1.25±0.07	***
DTI	0.08±0.006	0.08±0.007	0.08±0.007	0.08±0.006	0.08±0.006	0.08±0.007	0.08±0.006	***
BR	1.04±0.04	1.02±0.04	1.005±0.02	1.01±0.01	1.007±0.02	1.01±0.01	1.006±0.01	***

L'indice céphalique (IC), l'indice de taille (IT), l'indice de canon relatif (ICR), l'indice de longueur (IL), l'indice corporel (ICB), le développement thoracique (TD), l'indice dactylique du thorax (IDT), l'indice de largeur (WS), la profondeur relative du thorax (DT), HMR : Hamra, RMB : Rembi, TZW : Tazegzawt, ODJ : Ouled Djellal, SDN : Sidaoun, IFN : Ifilène, DMN : D'man

L'indice céphalique (IC)

L'indice céphalique (IC) a une importance ethnologique, notamment parce que sa variation n'est pas influencée par des facteurs environnementaux et par le comportement de l'animal (**Cerqueira et al., 2011**).

Les animaux des sept races étudiées avaient une largeur de tête égale à la moitié de sa longueur. La tête est donc dolichocéphale.

Ce type de tête est présent chez la race Tazegzawt (0,51±0,06), cette valeur est inférieure à celle obtenue par **El bouyahiaoui et al., (2021)**

Les races Hamra et Rembi ont des indices supérieurs à 0,50 ce qui explique que leurs têtes sont plus larges et plus de la moitié de la longueur, ces résultats sont supérieurs à ceux obtenus chez la race Rembi étudiée par **Djaout et al., (2015)**,

Alors que les autres races comme Ouled Djellal, Sidaoun, Ifilene et D'man ont des têtes moins larges que la moitié de la longueur, ces résultats sont inférieurs à ceux obtenus chez les races : Ouled Djellal (**Djaout et al., 2017**) et D'man (**Belharfi et al., 2023**).

L'indice corporel (IB)

Dans notre étude, l'indice corporel (IB) montre que les animaux des races étudiées sont médiolignes (0,87±0,07).

Les races Hamra et Rembi sont longilignes, nos résultats de la race Rembi sont identiques à ceux obtenus par **Djaout et al., (2015)** chez la race Rembi dans la région de Tiaret.

La race Tazegzawt et la race Sidaoun sont médiolignes ; ces résultats sont identiques par rapport à la race Tazegzawt qui est étudiée par **El Bouyahiaoui et al, (2021)**,

Alors que les races : Ouled Djellal et D'man sont brévilignes, ces résultats sont similaires à ceux de la race D'man étudiée par **Belharfi et al. (2023)** et la race Ouled Djellal dans le travail de **Harkat et al., (2015)** et **Djaout et al., (2018)**

L'indice de longueur (IL)

Selon l'indice de longueur (IL), les races : Hamra, Rembi et Tazegzawt ont un corps oblong, c'est-à-dire que la longueur du corps est supérieure à la hauteur comme dans la race Tazegzawt rapportée par **El Bouyahiaoui et al. (2021)** tandis que les races Ouled Djellal, Sidaoun, Ifilene et D'man ont une forme de corps carré. Ces résultats sont en accord avec les résultats de **Belharfi et al. (2023)** pour la race D'man et **Djaout et al., (2018)** pour la race Ouled Djellal.

La profondeur relative du thorax (DT)

La profondeur relative du thorax (DT) indique que les animaux de la race Hamra, Rembi, Tazegzawt, Ouled Djellal, Sidaoun, Ifilene et D'man sont des animaux proches de la terre. Ces résultats sont identiques à ceux obtenus chez la race D'men (**Belharfi et al., 2023**) avec une valeur inférieure à celle de la race Tazegzawt (**El Bouyahiaoui et al., 2021**) et Rembi (**Djaout et al., 2015**).

Le développement thoracique (DT)

Le développement thoracique (DT) montre que les animaux de la race Hamra, Rembi, Tazegzawt ont un développement thoracique important ; ces résultats sont supérieures par rapport à la race Tazegzawt rapportée par **El Bouyahiaoui et al. (2021)**. Les races Ouled Djellal, Ifilene et D'man ont un thorax développé, ces résultats sont supérieures à ceux obtenus par **Belharfi et al. (2023)** dans leur étude de la race D'man. La race Sidaoun a un thorax moins développé.

L'indice dactylo-thoracique (ITD)

L'indice dactylo-thoracique (IDT) indique le degré de la finesse squelettique, il nous permet d'établir une corrélation entre la masse individuelle de l'animal et ses membres, de manière à déterminer si le volume de corps correspond au développement osseux (**Cerqueira et al., 2011**) ; cet indice montre que les animaux de sept races étudiées ont des os très fins car (DTI=0,08) cette valeur est la même dans les sept races étudiées, Ces résultats sont identiques à ceux obtenus chez les races Hamra et Rembi étudiées par **Djaout et al., (2018)**, et la race Tazegzawt rapportées par **El Bouyahiaoui et al., (2021)**, mais l'ossature de la race Ouled Djellal obtenue dans notre étude est inférieure à celle obtenue par **Djaout et al., (2018)** chez la même race.

L'indice de largeur (WS)

L'indice de largeur (WS) indique que les animaux de la race Hamra, Rembi et Tazegzawt sont bien développés vers l'avant car la largeur au niveau des épaules est supérieure à la largeur au niveau des hanches. Ces résultats sont identiques à ceux obtenus par **El Bouyahiaoui et al. (2021)** chez la race Tazegzawt, alors que les races Ouled Djellal, Sidaoun, D'man et Ifilene sont bien développées en arrière car la largeur au niveau des hanches est supérieure à la largeur au niveau des épaules ce qui est similaire aux résultats de **Belharfi et al., (2023)** chez la race D'man.

III.2.2. Analyses inférentielles

III.2.2.1. Corrélation de PEARSON

Les coefficients de corrélation phénotypique entre les mensurations corporelles étudiées dans chaque race sont présentés dans les figures 40 ; 41 ; 42 ; 43 ; 44 ; 45 ; 46 à l'aide de cartes thermiques. Les lettres A, B, C, D, E, F et G représentent respectivement les races Hamra, Rembi, Tazegzawt, Ouled Djellal, Sidaoun, Ifilene et D'man.

Les résultats ont montré que chez les races Hamra (A), Ouled Djellal (D) et D'man (G), il n'y a pas de corrélations négatives entre les mensurations étudiées. De plus, chez les races Sidaoun (E) et Ifilene (F), il y a quelques corrélations négatives entre les mensurations, mais ces corrélations ne sont pas significatives. On peut probablement en déduire que les races citées sont très bien proportionnées.

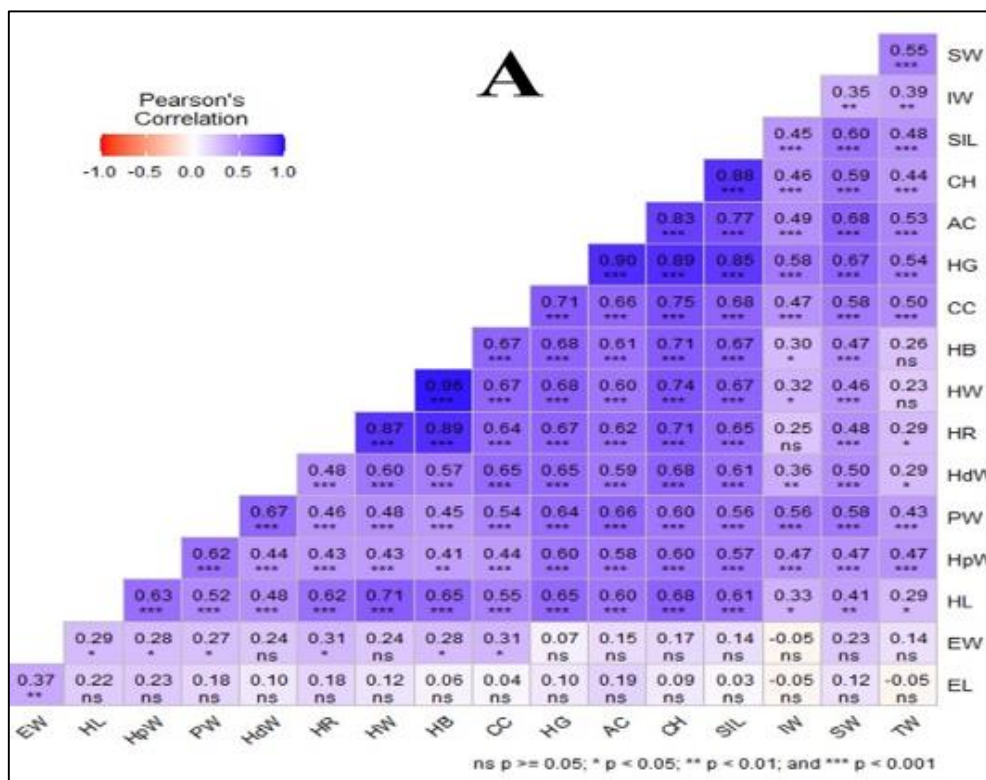


Figure 40. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race Hamra

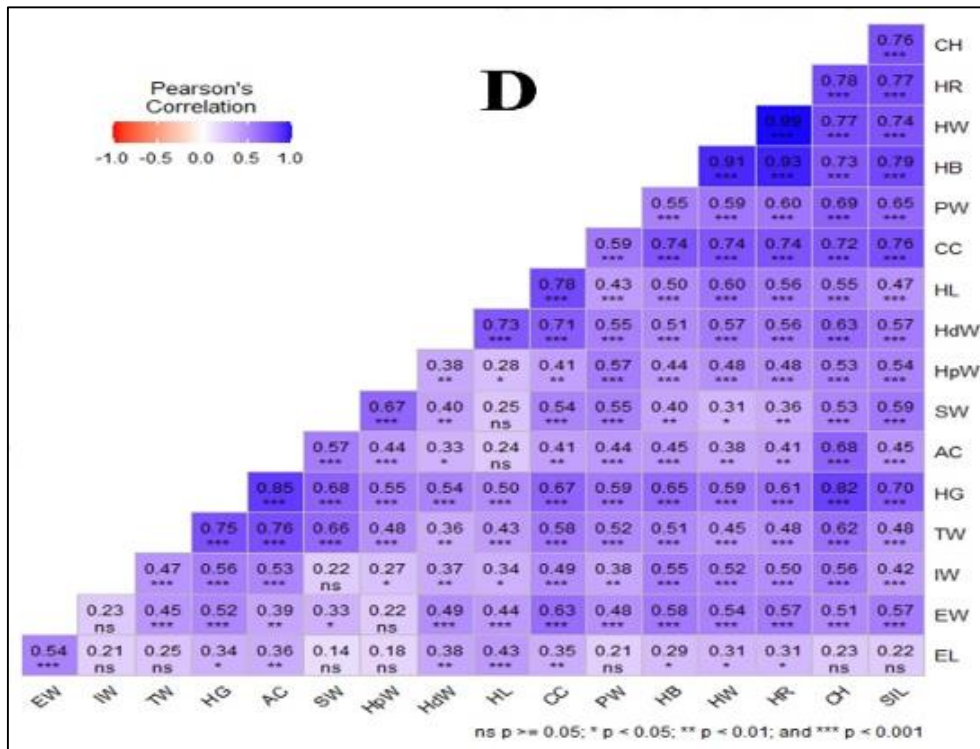


Figure 41. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race Ouled Djellal

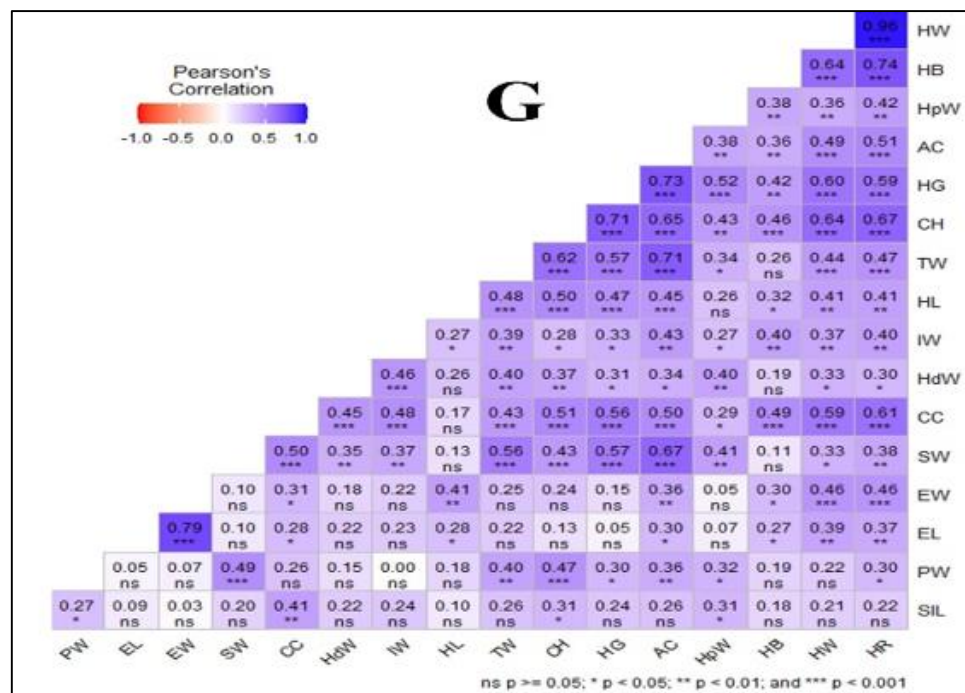


Figure 42. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race D'man

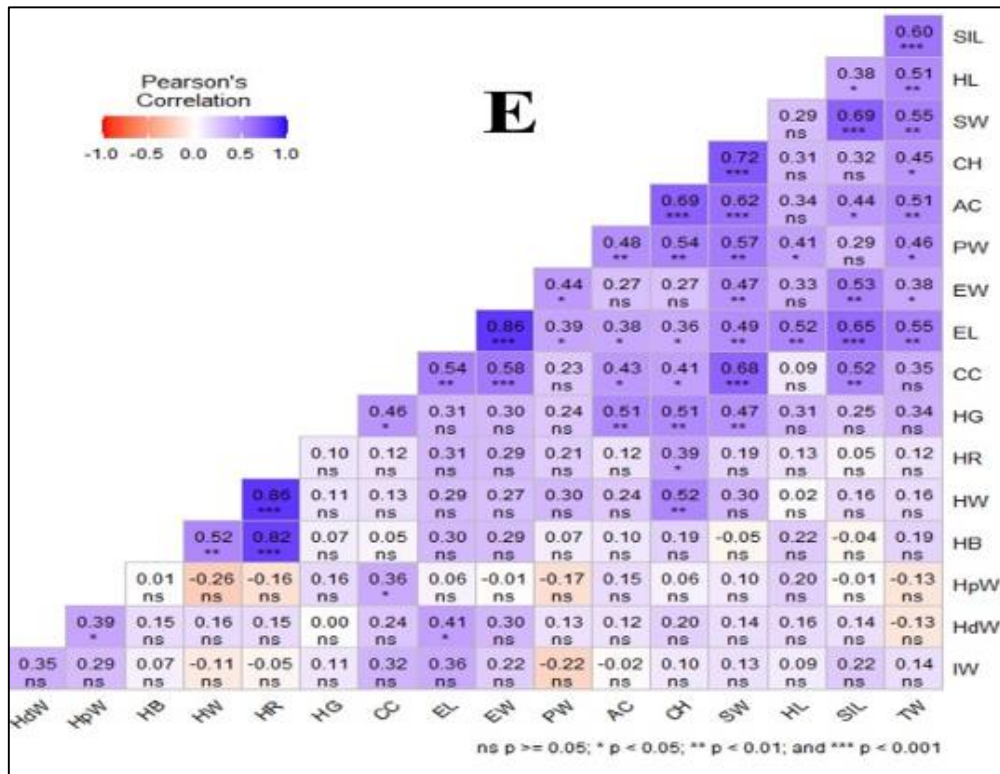


Figure 43. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race Sidaoun

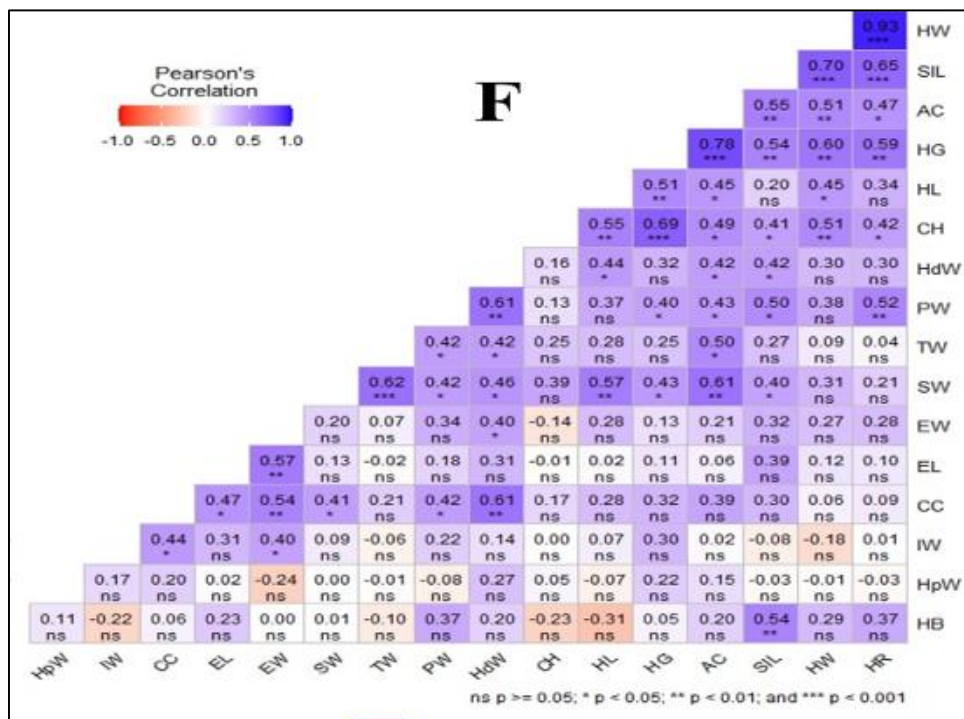


Figure 44. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race Ifilene

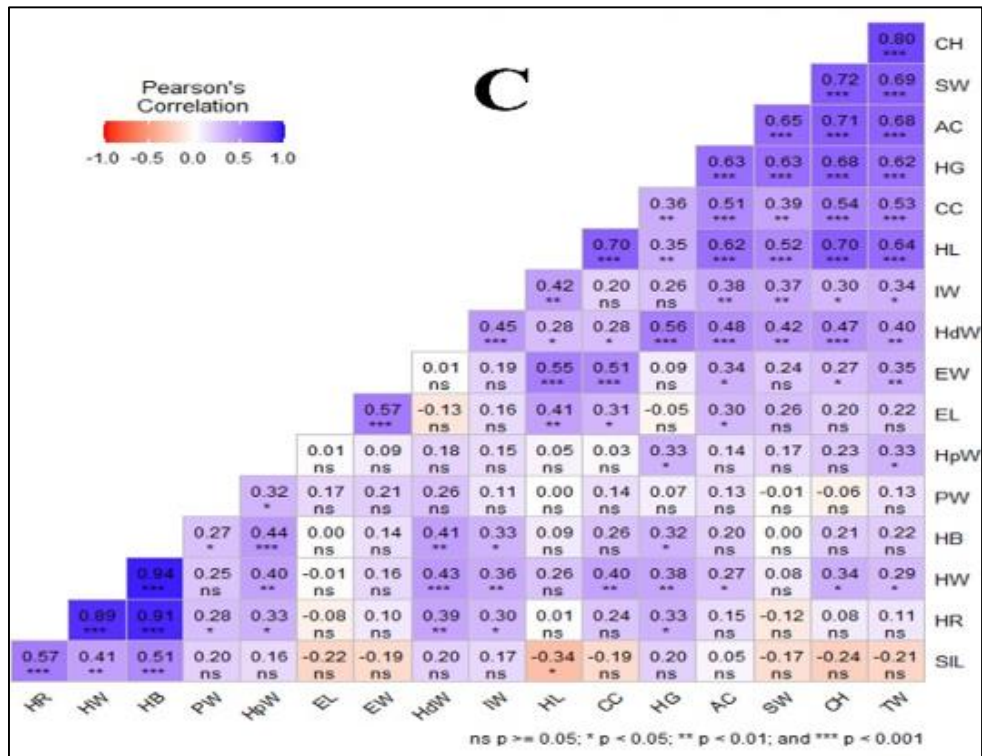


Figure 45. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race Tazegzawt

Chez Tazegzawt (C), il n'y avait qu'une seule corrélation négative significative entre la longueur de la tête (HL) et la longueur scapulo-ischiale (SIL) avec une valeur de (-0,34) et une valeur de p inférieure à 0,05 (*).

Enfin, chez la race Rembi (B), la largeur ischiatique (IW) était significativement négativement corrélée avec l'ensemble de la circonférence abdominale (AC), du périmètre utérin (HG) et de la largeur pelvienne (PW) avec des valeurs de (-0,34, -0,32 et -0,32) respectivement avec des valeurs de p inférieures à 0,05 (*). Une corrélation négative hautement significative a été trouvée (p<0,01) entre la largeur ischiatique (IW) et l'ensemble de la hauteur au dos (HB), de la hauteur au garrot (HW), de la hauteur à la croupe (HR) et de la largeur aux hanches (HpW) avec des valeurs de (-0,43, -0,39, -0,40 et -0,36) respectivement. Ces corrélations phénotypiques pourraient être de bons indicateurs de sélection directe et d'amélioration génétique dans les races étudiées

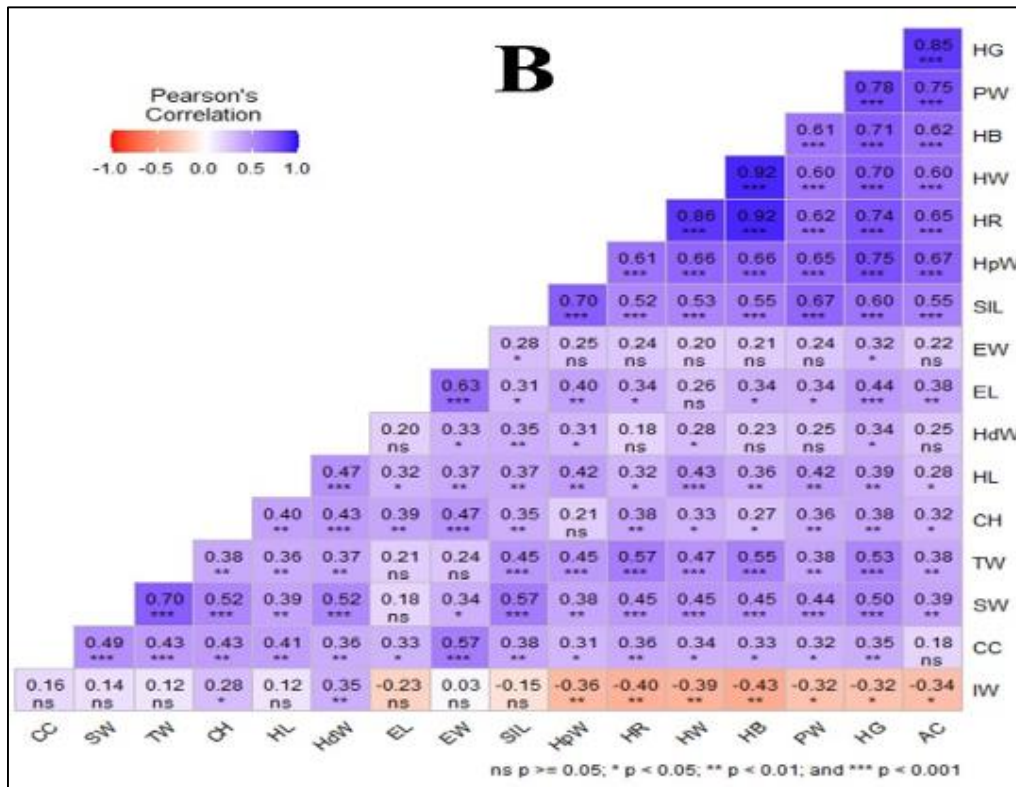


Figure 46. Matrices de corrélation de Pearson entre les mesures corporelles étudiées chez la race Rembi

III.2.3. Analyses multivariées

Afin d'étudier la distribution des races étudiées en fonction de leurs mensurations corporelles, une analyse en composantes principales suivie d'une classification hiérarchique sur composantes principales a été appliquée

III.2.3.1. Analyse en composantes principales

Les deux premières dimensions de l'analyse expliquent 73,5 % de l'inertie totale de l'ensemble de données, ce qui indique que cette proportion de la variabilité globale entre les individus (ou les variables) est capturée par le plan (Figure 47).

Ce pourcentage est particulièrement élevé, soulignant la représentation substantielle de la variabilité des données dans le premier plan. Il dépasse significativement la valeur de référence de 16,77 %, qui représente le quantile 0,95 de la distribution des pourcentages d'inertie dérivée de la simulation de 5411 tableaux de données de taille équivalente basés sur une distribution normale.

Par conséquent, la variabilité expliquée par ce plan est hautement significative. Compte tenu de ces résultats, l'interprétation des dimensions suivantes est probablement inutile.

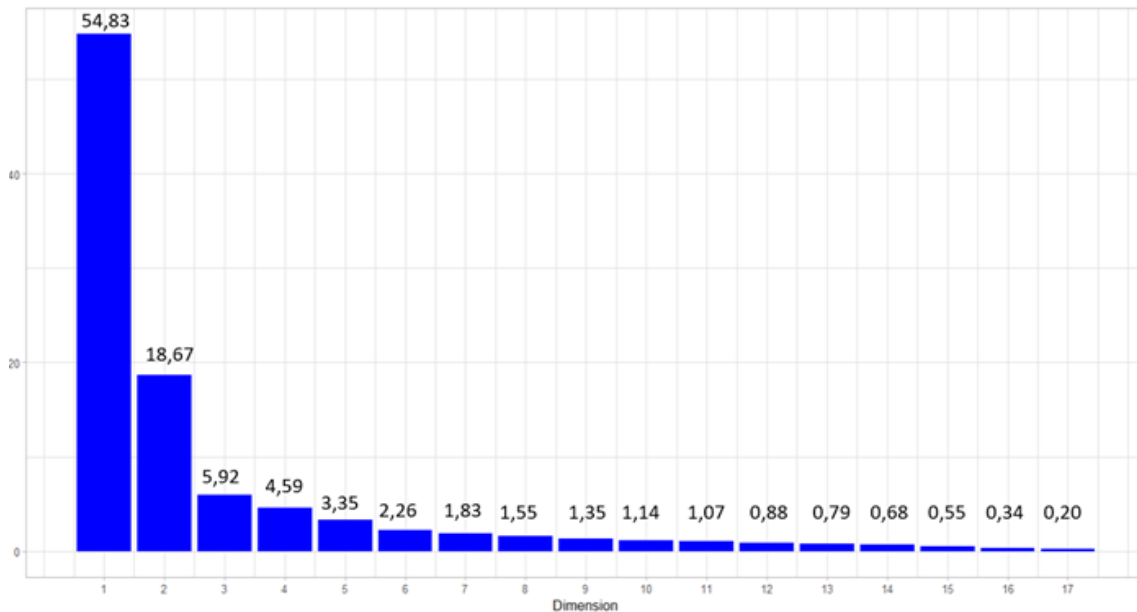


Figure 47. Décomposition de l'inertie totale

Dans ce plan (Figure 48), les individus étiquetés sont essentiels pour construire l'analyse. Ils sont distingués par des couleurs distinctes correspondant à différentes races ovines : Hamra en rouge, D'man en noir, Ifillene en vert, Ouled Djellal en bleu, Rembi en rose, Sidaoun en marron et Tazegzawt en gris. Cette différenciation des couleurs permet de visualiser clairement leur répartition.

On constate que les individus des races Hamra, Sidaoun et Ouled Djellal présentés dans le graphique se distinguent clairement des autres races, ce qui peut s'expliquer par leurs caractéristiques uniques. D'man et Ifillene sont très proches, les éleveurs confirment que la race D'man est un croisement génétique entre les races Ouled Djellal et Sidaoun. On peut dire que la race Ifillene partage les mêmes caractéristiques que D'man, tandis que Rembi et Tazegzawt sont également similaires

Dans le graphique PCA présenté dans la figure 48, il est évident que les caractéristiques étudiées dans cette population se regroupent vers le périmètre du cercle.

Cela suggère un niveau élevé de signification statistique, indiquant que ces variables contribuent de manière significative aux Dimensions 1 et 2.

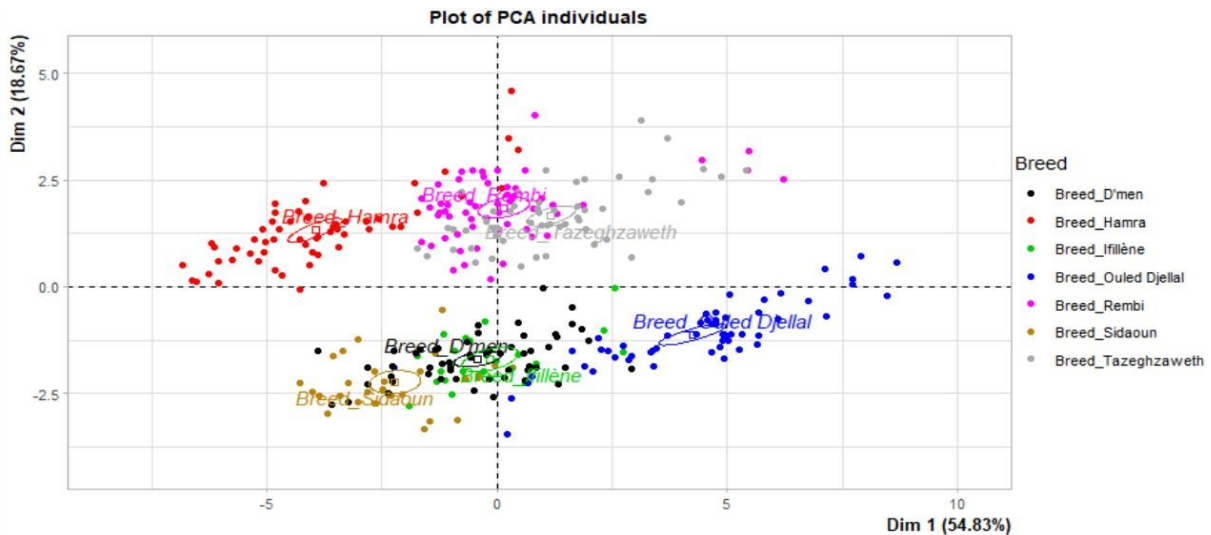


Figure 48. Représentation des individus (PCA)

Deux groupes de traits sont observés (Figure 49). Le premier groupe comprend la largeur de l'ischion (IW), la largeur de la tête (HdW) et la largeur de la hanche (HpW), avec une forte corrélation positive entre ces traits. Le deuxième groupe comprend la longueur scapulo-ischiale (SIL), la circonférence du canon (CC), la longueur de la tête (HL), la circonférence du foyer (HG), la largeur du bassin (PW), la circonférence abdominale (AC), la largeur des oreilles (EW), la largeur des épaules (SW), la hauteur du dos (HB), la longueur des oreilles (EL), la hauteur de la poitrine (CH), la hauteur au garrot (HW), la largeur du trochanter (TW) et la hauteur à la croupe (HR), montrant une corrélation positive entre les variables de ce groupe.

Cette corrélation entre les traits peut s'expliquer soit par l'influence des gènes, c'est-à-dire que ces traits sont contrôlés par un ensemble commun de gènes, soit par des réponses similaires aux conditions environnementales.

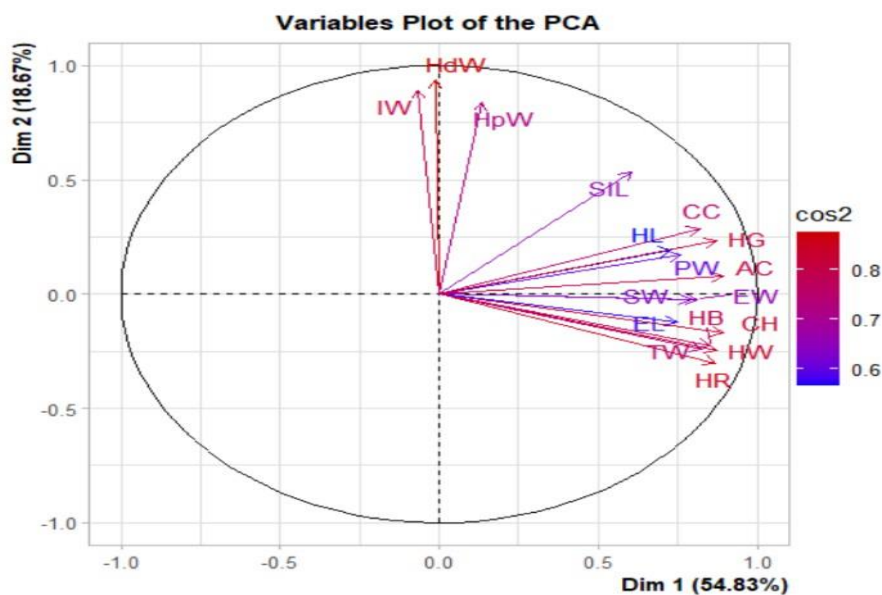


Figure 49. Carte des variables factorielles (PCA)

Pour exclure l'une de ces possibilités, il faudrait observer la même population évoluant dans deux biotopes différents et voir si les corrélations changent. Si les corrélations restent constantes, cela indiquerait que les traits sont principalement influencés par des gènes communs. Si les corrélations varient, cela suggérerait une influence environnementale prédominante.

III.2.3.2. Classification hiérarchique sur composantes principales

Le regroupement hiérarchique des individus en trois dimensions (Figure 50) montre les individus colorés selon leurs classes respectives. Cet arbre hiérarchique illustre la proximité entre les individus au sein de chaque cluster. Cette méthode permet de visualiser et de comprendre la structure de similarité entre les individus en fonction de leurs caractéristiques morphologiques et de leur distribution dans l'espace multidimensionnel de HCPC.

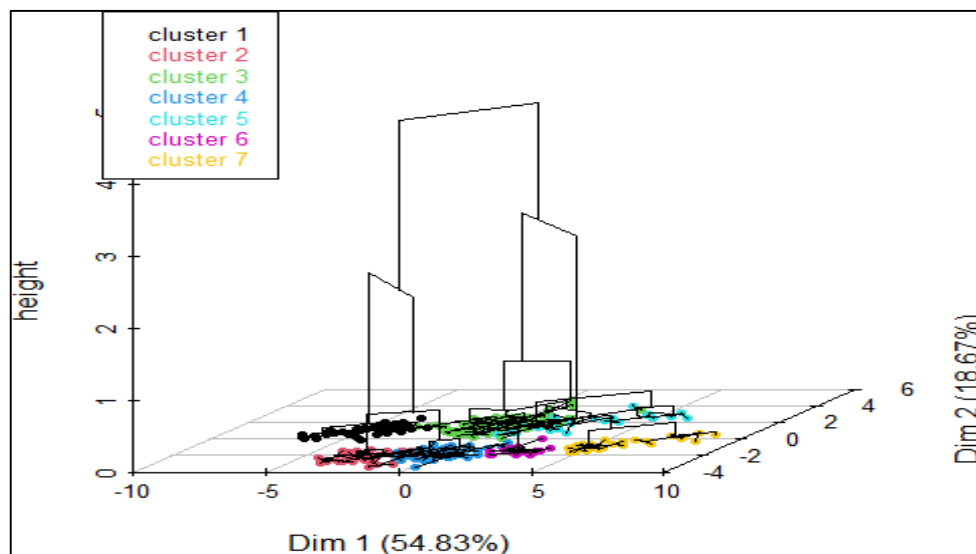


Figure 50. Arbre hiérarchique sur la carte factorielle

Il est à noter que seules les variables ayant une association significative avec les clusters sont reportées dans les tableaux 09 et 10 ci-dessous. La force de l'association (η^2) est mesurée par le ratio de corrélation entre la variable quantitative et le cluster, déterminant si ce ratio de corrélation est significativement différent de 0. Ces tableaux montrent les variables qui séparent le mieux les classes, c'est-à-dire celles qui caractérisent la partition.

Dans cette étude, la variable quantitative « Hauteur de poitrine (CH) » distingue le plus efficacement les classes obtenues, avec une valeur p de $4,22 \times 10^{-110}$ (tableau 09). La variable qualitative qui sépare les clusters est la race, avec une valeur p de $2,08 \times 10^{-187}$ (tableau 10).

Tableau 9 . Le lien entre les variables quantitatives étudiées et la partition

	Eta²	P-value
CH	0.798	4.22×10^{-110}
HdW	0.762	2.09×10^{-98}
HR	0.735	9.52×10^{-91}

Tableau 10. Lien entre les variables qualitatives étudiées et la partition

	P-value
Breed	2.08e ⁻¹⁸⁷
Region	3.02e ⁻¹³⁸
Gender	0.00103

Nous notons que la probabilité critique de notre étude est de 0,05. Le tableau 10 suivant nous informe que les variables étudiées contribuent à chaque classe par leur pouvoir discriminant (test V).

Tableau 11. Description de chaque classe par variables et modalités à l'aide du test V

	Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4	Cluster 5	Cluster 6	Cluster 7
Breed_DMN	-3.68	1.8	8.15	-5.82	-3.17	2.12	-3.23
Breed_HMR	13.7	-3.33	-4.96	-0.632	-3.21	-2.84	-3.27
Breed_IFN	-2.21	-1.1	7.09	-3.62	-1.88	0.677	-1.91
Breed_ODJ	-3.76	-2.65	-2.51	-5.95	-3.25	5.02	11.9
Breed_RMB	-3.68	-3.29	-4.9	11.5	-0.747	-2.81	-3.23
Breed_SDN	-2.49	9.72	-0.022	-4.04	-2.12	-1.86	-2.17
Breed_TZW	-3.68	-3.29	-4.9	3.27	9.96	-2.81	-3.23
SEX = F	-2.47	3.25	1.9	0.461	-2.45	-0.281	-0.192
SEX = M	2.47	-3.25	-1.9	-0.461	2.45	0.281	0.192
Region_ADR	-6.32	8.02	10.4	-8.99	-3.44	1.39	-1.91
Region_NM	13	-3.25	-4.85	-0.461	-3.14	-2.77	-3.19
Region_BJ	-3.59	-3.21	-4.79	4.1	8.47	-2.74	-3.15
Region_BSK	-1.16	-0.0226	-0.0317	-2.03	-0.963	2.72	1.7
Region_ODJ	-2.9	-2.58	-1.63	-4.66	-2.49	3.54	8.83
Region_TRT	-2.3	-3.21	-4.79	10.5	-0.654	-2.74	-3.15
AC	-9.18	-5.58	-2.24	-0.593	5.57	3.07	11.2
CC	-7.64	-7.36	-2.66	1.29	6.95	2.23	8.55
CH	-10.9	-2.14	0.141	-3.96	4.76	4.19	11.1
EL	-8.87	-7.02	2.91	-1.07	2.44	5.4	7.23
EW	-7.4	-7.83	0.439	-0.695	2.45	4.74	9.73
HB	-12	-0.777	0.748	-0.579	0.847	3.34	9.87
HdW	3.93	-7.02	-8.86	10.2	6.15	-3.5	-3.17
HG	-8	-7.16	-2.79	1.16	5.43	2.45	10.4
HL	-7.27	-5.11	-1.17	-1.75	9.83	2.04	5.64
HpW	-0.837	-6.67	-6.58	10.8	7.5	-3.89	-3.19
HR	-12.3	-0.95	1.66	-1.77	0.702	4.56	9.95
HW	-11.2	-1.76	1.08	-1.77	0.75	4.55	10.3
IW	5.46	-7.77	-8.53	8.99	5.54	-4.11	-1.63
PW	-5.92	-4.99	-5.09	2.13	0.87	4.12	10.5
SIL	-4.47	-6.79	-7.22	8.28	1.36	0.816	7.25
SW	-8.3	-4.11	-0.0847	-4.11	6.88	3.32	9.48
TW	-8.78	-2.84	1.58	-6.41	5.15	4.39	10.6

HMR: Hamra, RMB: Rembi, TZW: Tazegzawt, ODJ: Ouled Djellal, SDN: Sidaoun, IFN: Ifilene, DMN: D'man, F : Female, M : Male, ADR : Adrar, NM : Naama, BJ : Bejaia, BSK : Biskra, TRT : Tiaret.

Lorsque, dans une classe, la valeur du test V d'un paramètre est inférieure à (-2), cela signifie que cette classe obtient des valeurs faibles pour ce paramètre. Inversement, si la valeur du test V est supérieure à 2, cela signifie que cette classe obtient des valeurs élevées pour ce paramètre

Nous pouvons résumer le tableau 12 comme suit :

Le cluster 1 est composé d'individus de race Hamra d'Ain Safra, partageant des valeurs élevées pour les variables IW et HdW (les variables sont triées du plus fort), et des valeurs faibles pour les variables comme HR, HB, HW, CH, AC, EL, TW, SW, HG et CC (les variables sont triées du plus faible).

Le cluster 2 est composé d'individus de race Sidaoun d'Adrar, partageant des valeurs faibles pour les variables comme IW, EW, HdW, CC, SIL, HG, EL, HpW, AC et HL (les variables sont triées du plus faible).

Le cluster 3 est composé d'individus de races D'man et Ifillene d'Adrar, partageant des valeurs élevées pour les variables HpW, HdW, IW, SIL et PW (les variables sont triées du plus fort), et des valeurs faibles pour les variables TW, SW et CH (les variables sont triées du plus faible).

Le cluster 4 est composé d'individus de race Rembi et Tazegzawt de Tiaret et Béjaïa, partageant des valeurs élevées pour les variables EL, TW et HR (les variables sont triées du plus fort), et des valeurs faibles pour les variables HdW, IW, HpW, SIL, PW et HG (les variables sont triées du plus faible).

Le cluster 5 est composé d'individus de race Tazegzawt de Béjaïa, partageant des valeurs élevées pour les variables comme HL, HpW, CC, SW, HdW, AC, IW, HG, TW et CH (les variables sont triées du plus fort).

Le cluster 6 est constitué des individus D'man et Ouled Djellal de Biskra et Ouled Djellal et Adrar, partageant des valeurs élevées pour les variables comme EL, EW, HW, HR, PW, CH, TW, HB, AC et SW (les variables sont triées du plus fort), et des valeurs faibles pour les variables IW, HpW et HdW (les variables sont triées du plus faible).

Le cluster 7 est constitué des individus de race Ouled Djellal de Ouled Djellal. Ce groupe est caractérisé par des valeurs élevées pour les variables comme AC, CH, TW, PW, HG, HW, HR, HB, EW et SW (les variables sont triées du plus fort), et des valeurs faibles pour les variables HpW et HdW (les variables sont triées du plus faible).

III.2.3. Indice de SHANOON et WEAVER

L'indice de diversité relative étudié pour l'ensemble des caractères étudiés est de l'ordre de 0,84 dans les sept populations (Tableau 12), reflétant la diversité morphologique de cette collection.

Tableau 12. Indice de Shannon et weaver

Traits	HMR	RMB	TZW	SDN	IFN	ODJ	DMN
HW	0,27	0,36	0,35	0,23	0,20	0,27	0,36
HB	0,24	0,36	0,36	0,23	0,20	0,28	0,36
HR	0,24	0,37	0,35	0,23	0,20	0,27	0,35
CH	0,28	0,36	0,36	0,20	0,20	0,27	0,34
SIL	0,36	0,31	0,36	0,19	0,19	0,34	0,34
PW	0, 35	0,32	0,34	0,22	0,19	0,28	0,36
HL	0,35	0,35	0,29	0,22	0,20	0,32	0,34
HdW	0,31	0,26	0,31	0,20	0,17	0,29	0,30
EL	0,29	0,32	0,35	0,21	0,18	0,29	0,36
EW	0,26	0,32	0,35	0,20	0,18	0,26	0,37
SW	0,33	0,36	0,34	0,23	0,20	0,31	0,36
HpW	0,32	0,28	0,27	0,22	0,20	0,35	0,33
TW	0,28	0, 35	0,35	0,23	0,19	0,28	0,35
IW	0,30	0,33	0,29	0,19	0,18	0,35	0,30
HG	0,34	0,34	0,35	0,20	0,19	0,30	0,36
AC	0,30	0,35	0,34	0,21	0,19	0,29	0,37
CC	0,31	0,30	0,29	0,22	0,16	0,31	0,34
Mean	0,31	0,33	0,33	0,21	0,20	0,32	0,34

HMR : Hamra, RMB : Rembi, TZW : Tazegawt, ODJ : Ouled Djellal, SDN : Sidaoun, IFN : Ifilene, DMN : D'man

L'indice de diversité de Shannon est un outil précieux pour évaluer la variabilité et l'uniformité des traits entre différentes races. Il reflète non seulement le nombre de traits distincts présents, mais aussi la répartition uniforme de ces traits au sein d'une race.

Par exemple ; dans les données fournies, des races telles que D'man et Ouled Djellal présentent des indices de diversité plus élevés, avec des moyennes de 0,34 et 0,32, respectivement. Cela suggère que ces races ont une gamme de mesures plus large et une distribution plus équilibrée entre leurs traits, indiquant un niveau plus élevé de diversité et d'uniformité des traits.

En revanche, des races comme Sidaoun et Ifilene présentent des indices de diversité plus faibles, avec des moyennes de 0,21 et 0,20, respectivement. Cela indique que ces races ont moins de variabilité dans leurs mesures ou que certains traits dominent, conduisant à une répartition moins équilibrée.

Une diversité plus faible suggère que ces races peuvent avoir des traits plus uniformes ou moins de variations entre les traits qu'elles présentent.

Dans l'ensemble, l'indice de diversité met en évidence des différences significatives entre les races.

Une plus grande diversité dans des races telles que D'man reflète un ensemble de traits plus varié et plus uniformément réparti, ce qui pourrait être bénéfique pour l'adaptabilité et la robustesse. En revanche, une plus faible diversité dans des races comme Sidaoun et Ifilene suggère une moindre variabilité et une distribution plus inégale, ce qui peut affecter leur adaptabilité ou indiquer des caractéristiques plus uniformes au sein de ces races.

Conclusion

Cette recherche offre une étude approfondie de la variété morphologique et du classement de sept races de moutons (Hamra, Rembi, Tazegzawt, Ouled Djellal, Sidaoun, Ifilene et D'man), en se basant sur différentes dimensions corporelles. Les observations montrent une différence morphologique notable entre ces races, soulignant des caractéristiques corporelles spécifiques chez Hamra et Sidaoun, tandis que D'man et Ifilene affichent des ressemblances qui laissent présumer un éventuel croisement génétique. Les indices de diversité calculés dans cette recherche mettent en évidence la variation morphologique entre les différentes races. La race D'man affiche l'indice de diversité le plus haut, témoignant de sa grande variété en termes de traits et d'une répartition équilibrée des caractéristiques. Cependant, la race Rembi affiche l'indice de diversité le plus bas, signalant une variabilité réduite et des caractéristiques plus homogènes. Ces constatations sont corroborées par les indices de diversité de Shannon, qui montrent des valeurs plus hautes pour D'man et Ouled Djellal, suggérant une diversité et une uniformité des caractéristiques plus importantes, alors que des valeurs inférieures pour Sidaoun et Ifilene indiquent une répartition plus uniforme des caractéristiques. Globalement, la recherche souligne l'importance de la diversité génétique et phénotypique au sein des races ovines, fournissant des données essentielles pour les activités de sélection, de conservation et de gestion. Les résultats indiquent que les races telles que D'man, qui présentent une grande diversité, pourraient permettre davantage d'amélioration génétique et d'adaptabilité, tandis que les races à diversité plus restreinte, telles que Sidaoun et Ifilene, pourraient tirer profit de stratégies de sélection spécifiques pour accroître la variabilité et la résistance des caractéristiques. Ces résultats fournissent un fondement robuste pour des études futures et des mises en œuvre concrètes dans le domaine de la gestion et la préservation des races ovines. Dans les wilayas qui ont été visitées, à l'instar de la plupart des wilayas d'Algérie, les parcours revêtent une importance capitale pour l'alimentation des petits ruminants. Leur utilisation est étroitement liée à la mobilité des éleveurs et de leurs troupeaux. Toutefois, à cause de la dégradation des terrains de pâturage, du manque de travailleurs et du désengagement des jeunes générations, les éleveurs ont dû élargir leurs sources de revenus. Cela a graduellement converti le système d'élevage en des méthodes plus sédentaires centrées sur les cultures commerciales. Enfin, en Algérie la conservation ex-situ in vivo est principalement assurée par l'institut technique de l'élevage (ITELv) et l'institut pour le développement de l'agriculture saharienne (ITDAS). La conservation in vitro ex situ est plutôt assurée par le Centre national d'élimination artificielle et d'amélioration génétique (CNIAAG) et le Centre de recherche en biotechnologie (CRBt), mais la plus grande banque d'ADN d'espèces et surtout de races ovines algériennes est détenue par le laboratoire de Génétique Appliquée en Agronomie, Ecologie et Santé publique de l'Université de Tlemcen.

Recommandations et perspectives

Les retombées de ce travail à moyen terme seraient :

- ❖ De proposer un système d'identification des animaux avant toute élaboration d'un quelconque projet d'amélioration génétique d'une performance donnée, et qui constitue le maillon de départ de toute tentative tant sur le plan du progrès génétique que sur le suivi sanitaire des animaux.
- ❖ De proposer une stratégie de conservation de nos races ovines à la suite de leur caractérisation génétique.
- ❖ la nécessité de renforcer la conservation des races locales et de limiter la dérive génétique, notamment par la mise en place de programmes nationaux in situ et ex situ
- ❖ le développement de programmes d'amélioration génétique rationnels basés sur des données phénotypiques, morphométriques et génétiques
- ❖ la création de bases de données nationales intégrant génotypes et morphotypes
- ❖ la maîtrise des pratiques de reproduction afin de réduire la consanguinité et les croisements non contrôlés
- ❖ l'harmonisation des protocoles de mesures morphobiométriques
- ❖ une implication accrue des structures étatiques (INRAA, ITDAS, CNIAAG) dans la production de reproducteurs certifiés et la formation des éleveurs
- ❖ le renforcement du suivi sanitaire à travers des calendriers de vaccination standardisés et un accompagnement vétérinaire structuré.
- ❖ Mettre en place des organismes spécialisés chargés d'élaborer les standards de race, notamment par la création de livres généalogiques et d'Unités de Promotion de la Race (UPRA/Flock Book), ainsi que des structures dédiées au suivi et au contrôle de chaque race.
- ❖ Développer un programme national de contrôle des performances (lait et viande) afin d'identifier et de sélectionner les génotypes les plus performants.
- ❖ Promouvoir l'utilisation des biotechnologies de la reproduction pour accélérer et diffuser le progrès génétique, tout en assurant la préservation du potentiel génétique local, véritable patrimoine zoogénétique national.
- ❖ Procéder sans délai à la conservation du matériel génétique de l'ensemble des races afin de garantir la sauvegarde de la biodiversité génétique de la population ovine algérienne.

Références bibliographiques

Références bibliographiques

Abbasi, M. A., & Ghafouri-Kesbi, F. (2011). Elements of genetic (co)variances related to body weight and body measurements in Makooei sheep. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 24(6), 739–743.

Abdelguerfi, A., & Ramdane, S. (2003). *Évaluation des exigences pour renforcer les compétences en conservation et utilisation durable de la biodiversité*. Projet ALG/97/G31, Alger, 78 p.

Abdel-Moneim, A. Y. (2009). Prediction of meat cuts and carcass weights using live body measurements in three Egyptian sheep breeds. *Egyptian Journal of Sheep and Goat Sciences*, 2, 17–32.

Abubakar, G. R., Ezewudo, E. A., Egena, S. S. A., & Usman, A. (2020). Genetic diversity of Nigerian indigenous sheep at the β -lactoglobulin gene locus. *Genetics, Biodiversity and Journal*, 4(2), 40–49.

Aberle, K. S., Hamann, H., Drogemuller, C., & Distl, O. (2007). Phylogenetic relationships of German heavy draught horse breeds inferred from mitochondrial DNA D-loop variation. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 124, 94–100.

Adam Abied, A., Ahbara, A. M., Berihulay, H., Xu, L., Islam, R., El-Hag, F. M., Reik, M., Haile, A., Han, J.-L., Ma, Y., Zhao, Q., & Mwacharo, J. M. (2021). Genomic divergence and dynamics in Sudanese thin-tailed sheep. *Frontiers in Genetics*. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.659507>

Adem.M a publié un travail en 2019. Production de peaux et cuirs en Éthiopie : Perspectives de commercialisation et obstacles, une revue documentaire. *Cogent Food & Agriculture*, volume 5, numéro 1.

Afolayan, R. A., Adeyinka, I. A., & Lakpini, C. A. M. (2006). The estimation of live weight from body measurements in Yankasa sheep. *Czech Journal of Animal Science*, 51(8), 343–348.

Afri-Bouzebda, F., Gaouar, S. B. S., Bouzebda, Z., et al. (2024). *Diversity and morphological characterization of Algerian sheep breeds*. *Journal of Animal Biodiversity*, 5(1): 45–60.

Aissaoui, A. (2022). *Diagnostic et perspective d'amélioration de la race ovine...* Mémoire de Master, Université de Tissemsilt.

Ajmone-Marsan, P., Valentini, A., Cassandro, M., Vecchiotti-Antaldi, G., Bertoni, G., & Kuiper, M. T. R. (1997). AFLP markers for DNA analysis in cattle. *Animal Genetics*, 28, 418–426.

Alary, V., & Lhoste, P. (2002). *Typologie des systèmes d'élevage en zones arides*. CIRAD-EMVT.

Alderson, L. (1999). Development of a linear measurement system to assess type and function in cattle. *Animal Genetic Resources Information*, 25, 45–55.

Alhajeri, B. H., Alhaddad, H., Alaqeely, R., Alaskar, H., Dashti, Z., & Maraqa, T. (2021). Camel breed morphometrics: Current methods and future prospects. *Transactions of the Royal Society of South Australia*. <https://doi.org/10.1080/03721426.2021.1889347>

Álvarez, I., Fernández, I., Traoré, A., et al. (2020). Genomic signatures of selection in Djallonké sheep highlight adaptation to harsh environments. *Scientific Reports*, 10, 2824.

Ameur Ameur, A., Gaouar, S. B. S., Maftah, A., & Saïdi-Mehtar, N. (2017). Genetic structure of Algerian sheep breeds revealed by microsatellite markers. *Small Ruminant Research*, 148, 1–7.

Ameur Ameur, A., Nazih, A., Benyoucef, M. T., Djaout, A., Azzi, N., Onur, Y., Cemal, I., & Gaouar, S. B. S. (2020). Identification and genetic characterization of Algerian sheep breeds using microsatellite markers. *Italian Journal of Animal Science*. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2017.1335182>

Arnould, C., Bordas, A., & Mérat, P. (2005). La diversité génétique animale : méthodes et enjeux. *Productions Animales*, 18(2), 87–94.

ASJP. (2023). Aperçu sur l'élevage ovin dans la steppe occidentale algérienne : cas de la wilaya de Naâma. *Agropastoralis Scientia*, 1(0).

Baccouche et al. (2015). Étude de la population bovine locale en Tunisie : transition de la description morphologique à l'analyse moléculaire. *Journal of New Sciences, Agriculture and Biotechnology*, 14(3), 449–456.

Baker, C. A., & Manwell, C. (1980). Classification chimique des bovins. 1. Groupes de races. *Groupes Sanguins Animaux et Génétique Biochimique*, 11(2), 127–150.

Baenyi, P., Meutchieye, F., Ayagirwe, B. R., Bwihangane, B. A., Karume, K., Mushagalusa, N. G., Ngoula, F. (2018). Diversité biologique des moutons Djallonké indigènes... *Gen. Biod. J.*, 2(2), 1–10.

Bautista Salas, A. M. (2009). Thèse de doctorat : caractérisation agro-morphologique... FUNDP.

Baumung, R., Simianer, H., & Hoffmann, I. (2004). Étude de la diversité génétique chez les animaux d'élevage. *Revue de Génétique et d'Amélioration Animale*, 121(6), 361–373.

Belabdi, I. et al. (2019). Homogénéisation génétique des races de moutons indigènes... *Scientific Reports*, 9(1), 7920.

Belharfi, F. Z., Djaout, A., Ameer Ameer, A., Gaouar, S. B. S. (2017). Caractérisation baryométrique... *Gen., Biodv., J.*, 1(2), 31–11.

Belharfi, F. Z., Djaout, A., Ameer Ameer, A., Sahraoui, H., & Gaouar, S. B. S. (2018). Étude comparative de la laine... *GABJ*, 2(1), 19–25.

Belharfi, F. Z., Djaout, A., Ameer, A., Gaouar, S. B. S. (2019). *Caractérisation baryométrique de la race ovine Ouled Djellal.* *Genetics & Biodiversity Journal*, 3(2): 31–41.

Belharfi, F. Z., Tabet Aouel, N., Kdidi, S., Djaout, A., El-bouyahyaoui, R., Ainseba, H., Hadjmohammed, D., Ameer Ameer, A., & Gaouar SBS. (2023). Caractérisation phénotypique et moléculaire des moutons Tazegzawt et EL Ham.

Belharfi, F. Z. (2024). Caractérisation morphométrique et génétique... Thèse, Univ. Tlemcen.

Belhamida, A. (2023). Modalités d'adaptation de l'élevage ovin... *Agropastoralis Scientia*, 1, 65.

Ben Mazouza, K., & Yahimi, N. (2021). Étude morphométrique de quelques races ovines en Algérie. Univ. Blida 1.

Benameur, D. (2018). Étude des systèmes d'élevage ovin dans la région aride de Biskra. Mémoire, Univ. Biskra.

Benaouda, S., Benyoucef, M. T., & Madani, T. (2018). Caractérisation technico-économique... *Revue Agriculture et Développement*, 35(2), 45–58.

Benidir, M., Ameer Ameer, A., & Gaouar, S. B. (2017). Biodiversity state of Algerian sheep breeds. *Genetics & Biodiversity Journal*, 1(1), 1–18.

Bensalem, M., Kerbouche, A., & Hamidat, A. (2022). Structure génétique et pratiques de sélection... *African Journal of Animal Science*, 49(3), 212–224.

Bekkouche, N. (s.d.). Situation de l'élevage ovin pratiqué en système extensif. Mémoire Univ. Ouargla.

Bneder (2005). Economic and ecological constraints on sheep management in the Algerian steppe. *LRRD*, 35(10): 3592.

Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., et Davis, R. W. (1980). Élaboration d'une carte de liaison génétique chez l'homme en utilisant les polymorphismes de longueur de fragments de restriction. *Journal américain de génétique humaine*, 32(3), 314-31.

- Bouss (2023).** Dairy potential of blue Tazegzawt ewes of Kabylie. *LRRD*, 33(7).
- Boukhechem, L. (2018).** Caractérisation des systèmes d'élevage ovin dans la wilaya de Blida. ENSA Alger.
- Boukhechem, I. (2020).** Étude d'identification et de caractérisation morphométrique des races ovines locales dans la wilaya de Tlemcen. Mémoire de Master, Université de Tlemcen, Algérie.
- Bowling, A. T., Del Valle, A., & Bowling, M. (2000).** Variation de la séquence de l'ADN mitochondrial chez les chevaux arabes. *Anim Genet*, 31, 1–7.
- Bressou, C. (1978).** Anatomie comparée des animaux domestiques. Vigot.
- Brown, W. M., George, M., & Wilson, A. C. (1979).** Évolution rapide de l'ADN mitochondrial. *PNAS*, 76, 1967–1971.
- Bruford, M. W., & Wayne, R. K. (1993).** Microsatellites and their use in population genetics. *Current Opinion in Genetics and Development*, 3, 939–943.
- Bumgarner, R. (2013).** Microarrays ADN : catégories, usages et perspectives d'avenir. *Mol Biol*, Unit-22.1
- Cearqueira, J. O. L., Feás, X., Iglesia, A., Pacheco, L. F., & Araújo, J. P. P. (2011).** Caractéristiques morphologiques chez les moutons Bordaleira de Entre Douro et Minho au Portugal : divergence de la race. *Ciências da Produção Animal*, 51, 635–641.
- Chacón, E., Macedo, F., Velázquez, F., Paa, S. R., Pineda, E., & McManus, C. (2011).** Mesures morphologiques et indices corporels des chèvres Creole cubaines et de leurs hybrides. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 40(8), 1671–1679.
- Chambers, G. K., & MacAvoy, E. S. (2000).** Microsatellites: consensus and controversy. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B*, 126, 455–476.
- Chehma, A., & Chibani, A. (2018).** Situation et perspectives de la race ovine Tazegzawet en Algérie. *Revue de l'Institut Agronomique de Tiaret*, 35(1), 27–39.
- Cheik, A., & Hamdani, A. (2007).** Étude morphométrique des ovins de l'Ouest algérien. *Revue d'Élevage et de Médecine Vétérinaire*, 58(2), 115–123.
- Chellig, R. (1992).** *Races ovines de l'Algérie*. Bureau des Publications Universitaires, Alger.
- CIHEAM. (2013).** Systèmes d'élevage et objectifs de sélection chez les ovins en Algérie. *Options Méditerranéennes*, Série A, 43.
- CSA (Centre Statistique Agricole). (2011).** *Statistiques nationales de l'élevage ovin en Algérie*. Ministère de l'Agriculture.

Delacretaz-Wolff, A. S. (1997). *Analyse génétique et sérologique des systèmes de groupes sanguins chez le mouton.* Thèse de doctorat, École Polytechnique Fédérale de Zurich.

Delgado, J. V., Barba, C., Camacho, M. E., Sereno, F. T. P. S., Martinez, A., & Vega-Pla, J. L. (2001). Descripción de las características de los animales de compañía en España. *Informations sur les Ressources Génétiques Animales*, 29, 7–18.

Dayo, G.-K., Houaga, I., Somda, M. B., Linguelegue, A., Ira, M., Konkobo, M., Djassi, B., Gomes, J., Sangare, M., Cassama, B., & Yapi-Gnaore, C. V. (2021). *Microsatellite DNA density and morphological diversity in Djallonké sheep from Guinea-Bissau.* In Review. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-275691/v1>

Degois, J. (1970). *Conformation extérieure et descriptif morphologique des ovins.* INRA.

Dekhili, M., Madani, T., & Laoun, A. (2003). Systèmes de production ovine dans les Hautes Plaines du Sétifois (Algérie). *Options Méditerranéennes*, Série A, n°59, 145–151.

Dekhili, M., & Aggoun, A. (2013). Analyse du coefficient pathologique concernant le poids corporel et les caractéristiques biométriques de la race Ouled-Djellal. *Agriculture Revue*, 06, 41–46.

Denis, B., Marle, A., & Astruc, J. M. (1980). *Méthodes de caractérisation morphologique des ovins.* INRA Publications.

Deribe, B., Beyene, D., Dagne, K., Getachew, T., Gizaw, S., & Abebe, A. (2021). Diversité morphologique des races ovines à queue grasse du nord-est et à queue fine du nord-ouest d'Éthiopie. *Heliyon*, 7(7).

Djaout, A., Afri-Bouzebda, F., Bouzebda, Z., Franck, M., & Sahi, S. (2012). Calcul du poids vivant par barymétrie chez les moutons Ouled Djellal. *Journée Mondiale de Médecine Vétérinaire*, Université Mentouri, Constantine.

Djaout, A., Afri-Bouzebda, F., Bouzebda, Z., Routel, D., Benidir, M., & Belkhiri, Y. (2015). Caractérisation morphologique de la population de moutons Rembi dans la région de Tiaret. *Indian Journal of Animal Science*, 85, 386–391.

Djaout, A., Afri-Bouzebda, F., Chekal, F., El-Bouyahiaoui, R., Rabhi, A., Boubekeur, A., Benidir, M., AmeerAmeer, A., & Gaouar, S. B. S. (2017). Biodiversité des races ovines algériennes. *Genetics & Biodiversity Journal*, 1(1), 1–17.

Djaout, A., Afri-Bouzebda, F., Bouzebda, Z., Benidir, M., & Belkhiri, Y. (2018a). Utilisation des mesures corporelles linéaires pour estimer le poids dans la race Ouled Djellal. *Indian Journal of Animal Science*, 88(8), 966–971.

Djaout, A., Afri-Bouzebda, F., Bouzebda, Z., Benidir, M. (2018b). Caractérisation morphologique et indices zootechniques des moutons Berbere. *Indian Journal of Animal Science*, 88(6), 706–713.

Djaout, A., Chiappini, B., Gaouar, S. B. S., Afri-Bouzebda, F., Conte, M., Chekkal, F., ... Vaccari, G. (2018). Polymorphisme génétique dans huit races ovines algériennes. *Revue de Génétique*, 97, 453–461.

Djaout, A., Afri-Bouzebda, F., Chekal, F., El-Bouyahiaoui R., Rabhi A., Boubekour A., Belkheir B., Moulla F., Belkheir Ben Ahmed N., Arbouche F., & Ghozlane F. (2019). Reproduction and growth performance of Tazegzawt sheep. *Genetics & Biodiversity Journal*, 3(1), 50–62.

Djaout, A., Belkhir, Y., Aneur, A. (2020). Étude des paramètres phénotypiques de la race *Ouled Djellal*. *Revue d'Élevage et de Médecine Vétérinaire*, 73(2): 89–102.

Djazagro. 2023. *Agriculture en Algérie — Les innovations agricoles*. Site web.

Dudouet, J. (1997). *Éléments de morphologie animale*. ENSA Toulouse.

EKB. (2015). *PESTE of small ruminants in Algeria: virus circulation by serosurvey preliminary results*. *Egyptian Journal of Sheep and Goats Sciences*, 10(2).

El Bouyahyaoui, R., Belkheir, B., Moulla, F., Mansouri, H., & Benidir, M. (2015). *Caractérisation morphologique de la race ovine Bleue de Kabylie (Tazegzawt)*. *Journal of Animal and Veterinary Advances*.

El Bouyahyaoui, R. (2018). *Study of wool characteristics in the Tazegzawt sheep breed*. *Livestock Research for Rural Development*, 30(5).

El-Bouyahiaoui, R., Belkheir, B., Moulla, F., Mansouri, H., Benidir, M., & Djaout, A. (2021). *Caractérisation morphologique et étude des indices zootechniques de la population ovine Tazegzawt en Algérie orientale*. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 11(4), 741–748.

Esquivelzeta, C., Fina, M., Bach, R., Madruga, C., Caja, G., Casellas, J., & Piedrafita, J. (2011). *Morphological analysis and characterization of the Ripollés sheep breed subpopulation*. *Animal Genetic Resources*, 49, 9–17.

FAO. (2004). Évaluation de la densité des animaux domestiques : révision des études récentes sur la densité. Commission sur les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture – Groupe de travail sur les ressources génétiques animales pour l'alimentation et l'agriculture, 3^e session, Rome, 31 mars–2 avril 2004, 38 p.

FAO. (2006). Algérie : Profil de projet d'investissement « Appui au développement de la filière ovine... » (NEPAD).

FAO. (2007). L'état des ressources génétiques animales dans le domaine de l'alimentation et de l'agriculture à l'échelle mondiale. Guide de formation.

FAO. (2008). Agriculture en Algérie. Rome : FAO.

FAO. (2013). Caractérisation phénotypique des ressources animales sur le plan génétique. Manuel de la FAO sur la santé et la production animales n° 11. Rome : FAO, 151 p.

FAO / MADR. (2024). Algérie – Résumé du Profil de projet d’investissement bancable – Volume V : Appui au développement de la filière ovine avec installation d’un abattoir aux normes internationales dans la wilaya de Djelfa. FAO.

FAOSTAT. (2012). Base de données FAO. Organisation des Nations Unies pour l’alimentation et l’agriculture.

FAOSTAT. (2019). FAOSTAT – Organisation des Nations Unies pour l’alimentation et l’agriculture.

FAOSTAT. (2021). FAO Statistical Database. Food and Agriculture Organization of the United Nations.

Felli et ses collaborateurs, 2021. Thèse de Master Académique ; Analyse phénotypique des troupeaux de chameaux et obtention du matériel génétique dans la région de Tamanrasset.

Frontiers. (2024). Serological, phenotypic and molecular characterization of brucellosis in small ruminants in northern Algeria. *Frontiers in Microbiology*.

Gaci, O., Benyoucef, M. T., Bounaceur, F., & Belkhiri, A. (2021). Morphometric characterization of local Algerian sheep breeds using multivariate analysis. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 20(5), 1–10.

Gaouar, S. B. S., Azzi, N., & Saïdi-Mehtar, N. (2005). Genetic diversity of Algerian ovine breeds using microsatellite markers. *African Journal of Biotechnology*, 4(12), 1320–1323.

Gaouar, S.B.S., Tabet-Aoul, N., Khaïb, également connu sous le nom de Naïb O., Hamouda, L., Boushaba, N., Brahami, N., Aouissat, M., Dhimi, L. et Saïdi-Mehtar, N. (2011). Utilisation de microsatellites pour étudier la variabilité génétique et les relations phylogénétiques des races ovines algériennes. *Publication EAAP n° 129, pages 52-54. Tendances innovantes dans la production animale méditerranéenne, 2011.* https://link.springer.com/chapter/10.3920%2F978-90-8686-726-4_5

Gaouar, S. B. S., Kdidi, N., Tabet Aouel, R., Aït-Yahia, N., Boushaba, M., Aouissat, L., Dhimi, M. H., Yahyaoui et Saïdi-Mehtar, N. (2014). L'admixture génétique des races ovines nord-africaines révélée par les loci de microsatellites. *Recherche sur le développement rural*, 26(7), 2014.

Gaouar, S. B. S., Kdidi, S., Tefiel, H. (2015). *Morphological differentiation among Algerian sheep breeds.* Small Ruminant Research, 131: 64–73.

Gaouar S.B.S., Kdidi S., Tabet Aouel N., Aïtyahia R., Boushaba N., Aouissat M., SaidiMehtar N. (2015a). Recherche sur les liens génétiques entre les races de moutons Hamra et BeniIghil à l'aide de marqueurs microsatellites. *Small Rumin Res*, 90:101-108.

Gaouar SBS. Da Silva M., Maftah L., Lafri Mehtar N. A. (2015b). L'admixture et la marginalisation des races locales menacent la diversité ovine en Algérie. *PLoS One*, 10:e0122667.

Gaouar SBS, Kdidi S., Ouragh L. (2016a). Estimation de la structure de la population et de la densité génétique des races ovines marocaines à l'aide de marqueurs microsatellites. *Small Rumin Res*, 144:23–27.

Gaouar, S. B. S., Tabet Aouel, N., & Kdidi, S. (2016). Phylogeography and genetic structure of Algerian sheep breeds using mitochondrial DNA. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 63, 1–12.

Gaouar, S. B. S., Lafri, M., Djaout, A., El-Bouyahiaoui, R., Bouri, A., Bouchatal, A., Maftah, A., Ciani, E., & Da Silva, A. (2016). L'analyse à l'échelle du génome met en évidence la dilution génétique chez les moutons algériens. *Hérédité*, 1-9. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27624116>

Gaouar, S. B. S. et al. (2017). *Genetic and phenotypic diversity of Algerian ovine breeds*. *Animal Genetic Resources*, 60: 15–28.

Gani, F. (2023). Aperçu sur l'élevage ovin dans la steppe occidentale algérienne : cas de la wilaya de Naâma. *Agropastoralis Scientia*, 1(0), 56.

Gani, F., Abdellatif, N. (2020). Reproductive characteristics of local sheep breeds in the Saharan region of Béchar (Algeria). *Life Sciences Leaflets*, Vol. 127, September 2020.

Gatenby, R. M. (2006). *Sheep: The tropical agriculturalist*. CTA/Macmillan.

Ghernouti, N., Bodinier, N., Ranebi, D., Maftah, Petit, D., Gaouar, S.B.S. (2017). La région de contrôle de l'ADN mitochondrial met en évidence trois événements migratoires liés aux races ovines en Algérie. *RUMIN*, 0921-4488. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2017.09.003>

Grosclaude, F. (1988). Le polymorphisme génétique des principales lactoprotéines bovines. Liens entre la quantité, la composition et les qualités fromagères du lait. *Animal productions*, 1(1), 5-17.

Hair, J.F., Anderson, R.E., Tatham, R.L. et Black, W.C. (1998). Analyse de données multivariées. Prentice Hall, New Jersey.

Handiwirawan, E., Noor, R., Sumantri, C. et Subandriyo (2011). La distinction des races de moutons sur la base de leurs mensurations corporelles. *Journal of Indonesian Tropical Animal and Agriculture*, 36(1), 1–8.

Harkat, S., Laoun, A., Benali, R., Outayeb, D., Ferrouk, M., Maftah, A., Da Silva, A. & Lafri, M. (2015). Caractérisation phénotypique des principales races ovines en Algérie. *Rev. méd. Vet.*, 166(5-6), 138–147.

Harrison, R.G. (1989). L'ADN mitochondrial animal comme marqueur génétique en biologie de la population et de l'évolution. *Trends in Ecology and Evolution*, 4, 6–11.

Hichern Habita, Merouane Hanichi, A. Yahimia (2008). La conduite d'élevage ovine : étude dans la région de Ksar Chellala (Wilaya de Tiaret). Université Blida1.

Higeweg, P. (2011). Les origines de la bioinformatique se trouvent dans la biologie théorique. *PLoS Biologie Computationnelle*, 7(3), e1002021.

Hill, E.W., Bradley, D.G., Al-Barody, M., Ertugol, O., Splan, R.K., Zakharov, I., Cunningham, E.P. (2002). L'histoire et l'intégrité des lignées de juments pur-sang révélées dans la variation du mtDNA équin. *Anim. Genet.*, 33, 287–294.

Idres, T., Ibrahim, N. A., Lamara, A., Boudjellaba, S., Derguini, A., Basher, N. S., Temim, S., Aleissa, M. S. & Chebloune, Y. (2025). Epidemiological Insights into Maedi Visna Virus in Algeria: First National Seroprevalence Survey and Risk Factor Profiling in Sheep Herds. *Animals*, 15(15), 2166.

Jafari, S. (2014). Évaluation des paramètres génétiques pour les mesures corporelles et leur liaison avec le poids vif des agneaux de un an dans la race ovine Makuie. *Journal des Sciences Appliquées Mondiales*, 29(2), 188–192.

James, I.J., Osinowo, O.A., & Adegbaso, O.I. (2009). Évaluation des caractéristiques de la traite des chèvres et moutons naines d'Afrique de l'Ouest (WAD) dans l'État d'Ogun, Nigeria. *Journal of Agricultural Science and Environment*, 9, 75–87.

Jeffreys, A.J., Wilson, V., Thein, S.L. (1985). Régions « minisatellite » hypervariables dans l'ADN humain.

Joly, D. (2005). Étude de la diversité génomique des populations de *Cronartium ribicola*, l'agent pathogène à l'origine de la rouille vésiculeuse du pin blanc. Mémoire soumis pour l'attribution du titre de maître en sciences, Université Laval.

Kali, K. & Kardjadj, M. (2019). Understanding the epidemiology of sheep pox outbreaks among vaccinated Algerian sheep and post vaccination evaluation of the antibodies kinetics of the commercially used vaccine. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 65, 128–131.

Kandoussi, A., Boujenane, I., Clément, A., Serranito, B., Germot, A., Piro, M., Maftah, A., Badaoui, B., & Petit, D. (2020). L'origine de l'établissement ovin dans le Méditerranée occidentale. *Rapports scientifiques*, 10:10225. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-67246-5>

Kanoun, M., Huguenin, J., Yakhlef, H., Meguellati Kanoun, A., Julien, L., Taugourdeau, S. & Bellahrache, A. (2017). Diversité des stratégies d'adaptation des agropasteurs ovins face aux situations d'incertitude en territoires steppiques: cas de la région d'El Guedid, Djelfa, Algérie. *Revue des BioRessources*, 7(2).

Kassambara, A. (2017). Manuel Pratique sur les Méthodes des Composantes Principales en R.

Kavar, T., Brem, G., Habe, F., Sölkner, J., Dovc, P. (2002). Histoire des lignées maternelles des chevaux Lipizzan analysée par l'ADN mitochondrial. *Genet. Sel. Evol.*, 34, 635–648.

Kebbab, S. (2025, 6 nov.). Races ovines algériennes : un patrimoine et une richesse en péril. Université Frère Mentouri – Constantine 1.

Kheniche, S., Douifi, M. (2011). Enquête sur l'élevage ovin (Cas de la région de Messaâd). Mémoire, Université Saad Dahlab – Blida.

Khladi, Z. (2021). Dynamique des systèmes d'élevage ovin dans le nord de l'Algérie : diversité, contraintes et perspectives. Mémoire de Doctorat, Université de Bouira, 210 p.

Klungland, H., Vage, D.I., Gomez-Raya, L., Adalsteinsson, S., & Lien, S. (1995). L'étude sur le rôle du récepteur de l'hormone stimulante des mélanocytes (MSH) dans la détermination de la couleur du pelage bovin. *Mammalian Genome*, 6, 636–639.

Karp, A., Seberg, O., Buiatti, M. (1996). Techniques moléculaires dans l'évaluation de la diversité botanique. *Annals of Botany*, 78, 143–149.

Lagziel, A., DeNise, S., Hanotte, O., Dhara, S., Glazko, V., Broadhead, A., Davoli, R., Russo, V., Soller, M. (2000). Distribution géographique et raciale d'un PCR-RFLP Msp I dans la croissance bovine, *Animal Genetics*, 31 : 210–213.

Lee, MA, Keane, OM., Glass, BC, Manley, TR., Cullen, NG, Dodds, KG., McCulloch, AF, Morris, CA, Schreiber, M., Warren, J., Zadissa, A., Wilson, T., McEwan, JC. (2006). Mise en place d'un pipeline pour l'analyse des SNP non synonymes chez *Bos Taurus*, *BMC Genomics*, 7, 298.

Levinson, G., Gutman, GA. (1987). Paru dans *Molecular Biology and Evolution*, 4(3), pages 203 à 221.

Laoun A. (2007). Magistère en sciences vétérinaires : Analyse morpho-biologique d'un échantillon de la population ovine de Djelfa, Spécialité : Zootechnie, Algérie, p 115.

Laoun A. (2017). « Caractérisation morphologique et pratiques de renouvellement de la ‘race’ ovine Rembi ». Thèse de Doctorat, École Nationale Supérieure Vétérinaire – Alger.

Laoun A., Harkat S., Benali R., Yabrir B., Hakem A., Ranebi D., Maftah A., Madani T., Da Silva A., Lafri M. (2015). Étude phénotypique de la race ovine Rembi.

Laoun A., Maamar, M., & Djaout, A. (2020). Analyse des systèmes d'élevage ovin et dynamique des parcours dans le Centre algérien. *Revue des BioRessources*, 10(1), 22–36.

Laoun A., Rekik, B., Gaouar, S. B. S., & Bedhiaf-Romdhani, S. (2018). Morphometric and genetic characterization of local sheep breeds in North Africa. *Livestock Science*, 210, 15-25.

Lévêque, C., & Mounolou, J. C. (2001). Biodiversité. Belin.

Madani, T., Yakhlef, H., & Abbache, N. (2003). Les races de bovins, d'ovins, de caprins et de camélidés. Dans : Abdelguerfi A. (éd.) et al. Ramdane. Appréciation des exigences en termes de développement des compétences nécessaires pour la préservation et l'exploitation durable de la biodiversité essentielle à l'agriculture en Algérie, Alger.

Maudet, C., Luikart, G., & Taberlet, P. (2001). Genetic diversity and assignment tests among seven French cattle breeds based on microsatellite DNA. *Journal of Animal Science*, 80, 942–950.

Maxted, N. (2001). Conservation Ex Situ, In Situ. Dans *l'Encyclopédie de la Biodiversité* (pp. 683–695). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B0-12-226865-2/00115-2>

Mazari, R. & Larfi, N. (2017). Caractérisation des systèmes d'élevage ovins dans la wilaya de Blida. Mémoire de fin d'études, Institut des Sciences Vétérinaires, Université Saâd Dahleb – Blida.

Mebarki, H. (2019). Étude des systèmes de production ovine dans la région de Sétif (Algérie). Mémoire de Master, Université Ferhat Abbas de Sétif 1, 104 p.

Medouni, Y., Omrane, B., Khader, M. (2004). Étude du système d'élevage et du mode d'exploitation des parcours collectifs. Cas de la zone d'Aïn Oussara (région de Djelfa), Algérie. In Dubeuf J.-P. (ed.), *L'évolution des systèmes de production ovine et caprine : avenir des systèmes extensifs face aux changements de la société*. Zaragoza : CIHEAM, Options Méditerranéennes – Série A n° 61, pp. 279-288.

Melesse, A., Banerjee, S., & Butswat, I. S. R. (2013). Morphometric traits as indicators of body size and breed characteristics in sheep. *Small Ruminant Research*, 112(1–3), 58–67.

Miller M S, Christensen G V, & Evans H E. (1964). Anatomie du chien. W. B. Saunders Co., Philadelphia.

Moka, Z., Martin, A., Tadakeng, Y., Meutchieye, F., Fonteh, F. (2021). Évaluation biométrique des moutons à ventre noir en Afrique Centrale. *Broom Biod. J.*, 5(2), 139–153.

Montaldo, HH., & Meza-Herrera, CA. (1998). Application des marqueurs moléculaires et des gènes majeurs dans l'amélioration génétique du bétail, *Revue électronique de biotechnologie*, 1, 1-7.

Moazami-Goudarzy, K. (1994). Utilisation de marqueurs polymorphes pour décrire plusieurs races de bovins français. Thèse de doctorat. Université Paris XI à Orsay.

Mouhous, H. (2021). Impact des croisements sur la variabilité morphologique et génétique des races ovines locales en Algérie. *Revue Agriculture*, 11(2), 45–56.

Mavule, S., Bafowethu, Sarti Francesca, Emiliano Lasagna, & W. Kunene Nokuthula. (2016). L'analyse multivariée a révélé une différenciation morphologique parmi les populations de moutons Zulu dans la province du KwaZulu-Natal, en Afrique du Sud. *Recherche sur les petits ruminants*, 140, 50–56.

Muigai, A. W., & Hanotte, O. (2013). Origine des moutons africains : perspectives archéologiques et génétiques. *Revue d'Archéologie Africaine*, 30, pages 39 à 50.

Muigai, A.W.T., Okeyo, A.M., Kwallah, A.K., Mburu, D., & Hanotte, O. (2009). Caractérisation des populations de moutons du Kenya à l'aide de marqueurs microsatellites : répercussions sur la conservation et la gestion des races ovines indigènes. *Journal Sud-Africain de Science Animale*, 39(Suppl. 1).

Mwacharo, J., Otieno, C., Okeyo, A., et al. (2002). Profilage des Moutons à Queue Grasse et à Rémous Grasses Indigènes au Kenya : Diversité des Protéines Sanguines. *La santé et la production animale tropicale*, 34, 515–524. <https://doi.org/10.1023/A:1021231204414>

Mirkena, T., Duguma, G., Willam, A., Wurzinger, M., Haile, A., Rischkowsky, B., Okeyo, A. M., Tibbo, M., & Solkner, J. (2012). Plans d'élevage alternatifs basés sur la communauté pour les races de moutons indigènes dans quatre zones agro-écologiques de l'Éthiopie. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 129(3), 244–253. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2011.00970.x>

Nei, M. (1978). Evaluation de l'Hétérozygotie Moyenne et de la Distance Génétique à partir d'un Nombre Restreint d'Individus. *Genetics*, 89(3), 583–590.

Nei, M., & Roychoudhury, AK. (1974). Variances d'échantillonnage de l'hétérozygotie et de la distance génétique. *Genetics*, 76(2), 379–390.

Ollier, L., Chevalet, C., et Fouley, J.L. (2000). L'emploi de marqueurs pour la description des ressources génétiques. *INRA Prod, Anim*, numéro spécial « Génétique moléculaire : principes et application aux populations animales », 247–252.

Osamede, O.H. ET Adebowale, S.E., (2018). Structure génétique des races ovines indigènes au Nigeria basée sur les systèmes polymorphes électrophorétiques de la transferrine et de l'hémoglobine. *Journal Africain de Biotechnologie*, 17(12), 380-388.

Parker, H. G., Krylkand, N., & Ostrander, E. A. (2004). Genetic structure and diversity in domestic animal populations. *PNAS*, 101(29), 9045–9050.

Paulien, C. (1970). Morphologie et typologie des ovins domestiques. INRA-Editions.

Pitel, F., & Riquet, J. (2000). Productions Animales, HS 2000, 45–53 traites des marqueurs anonymes et de la détection de leur polymorphisme.

Portes, J.V., Somavilla, A.L., Grion, A.L., Dias, L.T., & Teixeira, R.A. (2018). Brève communication : Paramètres génétiques pour les scores visuels post-sevrage et les caractéristiques reproductives chez les moutons Suffolk. *Revista Española d'Investigación Agraria*, 16(1), e04SC01. <https://doi.org/10.5424/sjar/2018161-11612>

Parker, H. G., Krylkand, N., & Ostrander, E. A. (2004). Genetic structure and diversity in domestic animal populations. *PNAS*, 101(29), 9045–9050.

Rao, K.B., Bhat, K.V., & Totey, S.M. (1996). Identification de marqueurs génétiques spécifiques à l'espèce dans les animaux d'élevage par l'ADN polymorphe amplifié aléatoirement (RAPD). *Analyse génétique*, 13(5), 135–138.

Rahla, M. (2023). Pratiques et conduite d'élevage des ovins dans des systèmes d'élevage agropastoraux (région de Batna Biskra). *Agropastoralis Scientia*, 1(0), 60.

Rincon, G., D'Angelo, M., Gagliardi, R., Kelly, L., Llambi, S., & Postiglioni, A. (2000). Étude du polymorphisme génomique chez le bétail créole uruguayen à l'aide de marqueurs RAPD et microsatellites. *Recherche en Sciences Vétérinaires*, 69, 171–174.

Robertson, E.T., & Asker, (1951). L'extension d'une race de bovins laitiers. *Empire J. Exp. Agric.* 19, 191–201.

Robinson, T.P., Thornton, P.K., Franceschini, G., & Kruska, R. (2011). Global livestock production systems. FAO & ILRI.

Rognon, X., & Verrier, E. (2007). Identification et gestion des ressources génétiques. *L'UMR INRA/AgroParisTech « Génétique et Diversité Animales »*, Rabat, du 12 au 15 mars 2007.

Ryder, M.L. (1983). Sheep and man. Duckworth.

Ryder, M.L. (2007). The evolution and classification of domestic sheep. *Archiv für Tierzucht*, 50, 593–608.

- Ryder. (1984).** La carte montre seulement le modèle de propagation du mouton depuis l'Asie.
- Sahli, Z. (1987).** Les Hautes Plaines du Sersou, cadre d'interaction entre deux systèmes de production : le système « céréaliculture » et le système « ovin viande ». *Algerian Annals of Agronomy*, 11(3), 53–65.
- Saidi, A., Nassim Moula, R., Kaidi, R., & Merad, Z. B. (2016–2018).** Typological characteristics of sheep farms in relation to a potential risk of contamination with *Neospora caninum* in the central region of Algeria. *Agricultura*, 115(3–4), 13956.
- Salako, A.E. (2006).** Utilisation des indices morphologiques pour évaluer le type et la fonction chez les moutons. *Journal International de Morphologie*, 24, 13–18.
- Saleh, A.A., Hammoud, M.H., Dabour, N.A., et al. (2020).** Étudient la structure des gènes BMPR1B, BMP-15 et GDF-9 ainsi que leur lien avec le nombre de portées chez six races de moutons élevées en Égypte. *BMC Res Notes*, 13, 215. <https://doi.org/10.1186/s13104-020-05047-9>
- Sargent, J. (2012).** Différenciation et variation génétique des protéines sanguines entre 19 races de moutons d'Afrique australe. Université de Johannesburg (Afrique du Sud). Publications de thèses ProQuest, 2012. 28372251.
- Shannon, C.E., & Weaver, W. (1948).** The mathematical theory of communication. University of Illinois Press.
- Skapetas, B., & Kalaitzidou, L. (2013).** Morphological traits and performance of sheep breeds: A review. *Proceedings of the International Sheep Congress*, 12, 45–56.
- Skapetas, B., & Kalaitzidou, M. (2017).** Situation actuelle et perspectives du secteur ovins à travers le monde. *Livestock Research for Rural Development*, 29(2), Article 21. <http://www.lrrd.org/lrrd29/2/skap29021.html>
- Solomon, G., Komen, H., Hanote, O., Van Arendonk, J.A.M., Kemp, S., Aynalem, H., Mwai, O., & Tadelle, D. (2011).** Caractérisation et préservation des ressources génétiques ovines indigènes : Un cadre pratique pour les pays en développement. Rapport de Recherche ILRI numéro 27. Nairobi, Kenya, ILRI.
- Suhaila, N.S., Azizah, D., Zamila, Z., Zila, Z., & Mastura, Y. (2013).** Lien entre le poids vif et la mesure du tour de cœur chez les moutons Dorper. *Revue Malaisienne de Recherche Vétérinaire*, 4, 45–50.
- Stratil, A. (1973).** Deux nouvelles variantes de la transferrine ovine et l'effet de la neuraminidase. *Groupes sanguins des animaux et génétique biochimique*, 4(3), 153–159.

Serai, et al. (2023). Mémoire de Master Académique ; Analyse phénotypique des populations de moutons dans la zone de l'Ouarsenis.

Sajid, et al. (2023). L'analyse discriminante met en évidence les disparités dans la structure de race des buffles de rivière du Maharashtra (Inde). <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs3342307/v1>

Smithies, O. (1955). Zone electrophoresis in starch gels: Group variations in the serum proteins of normal human adults. *Biochemical Journal*, 61(4), 629–641.

Tazi, A., Hammamouch, M., Boumart, Z. & El Harrak, M. (2021). “Understanding the epidemiology of sheep pox outbreaks among vaccinated Algerian sheep and post vaccination evaluation of the antibodies kinetics of the commercially used vaccine”.

Tefiel, H., Bouzebda, Z., Afri-Bouzebda, F. (2019). *Caractérisation morphométrique de races ovines locales en Algérie.* Archivos de Zootecnia, 68(262): 245–255.

Tefiel, H., Hamza, R., Gaouar, S. B. S. (2021). *Évaluation phénotypique de la race ovine Hamra.* Journal Algérien des Sciences Vétérinaires, 10(1): 33–40.

Tefiel, H., Lot, S., Chahbar, M., Kidoud, B., Belantar, I., & Gaouar, S. B. S. (2023). *Phenotypic characterization, typology of Rembi and Ouled Djella sheep breeds in western Algeria: Case of the wilayas of Tissemsilt and Tiaret.* **Genetics & Biodiversity Journal**, 7(2), 120-129. <https://doi.org/10.46325/gabj.v7i2.361>

Trommelen, GJ, Den Daas, JH, Vijg, J., Uitterlinden, AG. (1993). Profilage de l'ADN des bovins à l'aide de microsatellites et de minisatellites, *Animal Genetics*, 24(4), 235-241.

TSA ; 2023. Ministère de l'Agriculture et du Développement Rural (Algérie) / TSA, « Comment l'Algérie veut relancer l'élevage des moutons », TSA Algérie.

Toussaint, G. (2002). Les races ovines françaises. Éditions France Agricole.

Vawter, L., Brown WM. (1986). La comparaison entre l'ADN nucléaire et mitochondrial révèle un taux d'externalité dans l'horloge moléculaire, *Science*, 234, 194-196.

Victor Mela et al., 2023. Caractérisation des populations de chèvres naines d'Afrique de l'Ouest dans la zone de la forêt tropicale : utilisation d'outils d'analyse multivariée basés sur des traits morphobiométriques ; *Tropical Animal Health and Production*, 55:222.

Vignal, A., Milan, D., SanCristobal, M., Eggen, A. (2002). Une étude sur les SNP et d'autres types de marqueurs moléculaires et leur utilisation en génétique animale, *Genetics Selection Evolution*, 34(3), 275-305.

Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Van De Lee T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M., Zabeau, M. (1995). AFLP : une nouvelle méthode pour l'analyse d'empreintes génétiques, *Nucleic Acids Research*, 23, 4407-4414.

Wafula, S., Jianlin, H., & Hanotte, O. (2005). Genetic diversity of indigenous East African sheep populations. International Livestock Research Institute (ILRI) Report.

Wanjala, G., Bagi, Z., Kusza, S. (2021). Analyse méta de la diversité de la région de contrôle de l'ADN mitochondrial pour éclairer les relations phylogénétiques et l'histoire démographique des races de moutons africains (*Ovis aries*). *Biologie* 2021, 10, 762. <https://doi.org/10.3390/biology10080762>

Weber, J. L., et May, P. E. (1989). Une classe abondante de polymorphismes de l'ADN humain, qui peut être identifiée en utilisant la réaction en chaîne par polymérase. *Journal américain de génétique humaine*, 44(3), 388.

Wilson, E. O. (2000). La question écologique numéro un. *La Recherche*, 333: 14-16.

Wilson, R. T. (1988). Les systèmes de production de petits ruminants en Afrique tropicale. *Recherche sur les petits ruminants*, 1(4), 305-325.

Wilson, R. T. (1991). Production de petits ruminants et ressources génétiques des petits ruminants en Afrique tropicale (Vol. 88). Organisation pour l'alimentation et l'agriculture.

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), 6531–6535.

Yang, YH., Kim, KI., Cothran, EG., Flannery, AR. (2002). La diversité génétique des chevaux de Cheju (*Equus caballus*) a été déterminée en utilisant le polymorphisme de l'ADN mitochondrial D-loop, *Biochem Genet*, 40, 175–186.

Yabrir B., Laoun A., Chenouf N.S. & Mati A. (2015). Caractéristiques des élevages ovins de la steppe centrale de l'Algérie en relation avec l'aridité du milieu : cas de la wilaya de Djelfa. *Livestock Research for Rural Development*, 27(10), Article 207.

Yakhlef, H., Bouzidi, A., & Boudjellal, A. (2014). Étude comparative des systèmes d'élevage bovin et mixte bovin-ovin dans le Nord-Est algérien. *Agrimaroc*, 6(2), 77–86.

Yakhlef, H. & Taherti, M. (1999). Diversité des pratiques d'alimentation des ovins et adaptation des éleveurs aux contraintes – le cas de la région semi-aride de Chlef (Algérie), *Algerian Annals of Agronomy*, 20(1), 83–92.

Yaro, M., Munyard, KA., Morgan, E., Allcock, RJN., Stear, MJ., Groth, DM. (2019). L'analyse des séquences génomiques regroupées des moutons Djallonke et Sahélien du Ghana

met en évidence la co-localisation de zones de réduction d'hétérozygotie avec des gènes candidats pour la résistance aux maladies et l'adaptation à un environnement tropical. BMC Genomics, 20(1):816.

Yousfi, M., Chachoua, I. & Bougouffa, N. (2017). The rangelands contribution in feeding small ruminants in steppe and Djelfa wilaya, Algeria. LRRD, 29(2).

Références électroniques

[Site web 1] <http://dagris.ilri.cgiar.org/regions/64/breeds?order=title&sort=asc&page=2>

[Site web 2] http://environnement.ecole.free.fr/images/mouton_schema.jpg

[Site web 3] <https://www.institutcharlesviollette.com/batiment-delevage-productif-et-economiquequels-sont-les-criteres-de-construction/>

[Site web 4] <https://www.veterinaire.fr/la-profession-veterinaire/devenir-veterinaire/les-differentsmetiers-veterinaires/veterinaire-rural-ou-mixte>

[Site web 5] <https://www.agrodirect.fr/1222419-soins>

[Site web 6] <https://www.vetcompendium.be/fr/node/3573>

[Site web 7] <https://www.agrimag.fr/genetique-animale-selection-et-amelioration-des-races-pourlelevage/>



**Diversity and morphological characterization of new Algerian sheep breeds
(among others): insights from phenotypic analysis**

**Diversidade e caracterização morfológica das novas raças de ovinos da Argélia
(entre outras): insights da análise fenotípica**

**Diversidad y caracterización morfológica de las nuevas razas ovinas Argelinas
(entre otras): perspectivas a partir del análisis fenotípico**

DOI: 10.34188/bjaerv7n4-147

Submetido: 01/08/2024
Aprovado: 30/09/2024

Haddadi Imane

PhD in Applied Genetics at Laboratory of Applied Genetic in Agriculture, Ecology and Public Health
University of Tlemcen
Tlemcen, Algeria
imane.haddadi@univ.tlemcen.dz

Djaout Amal

MRA in Zootechnics (Biotechnology and Animal Productions) at National Institute for Agronomic
Research of Algeria (INRAA). Research Unit of Setif, Algeria and Animal Productions, Biotechnologies
and Health Laboratory (PABIOS). Institute of Agro-Veterinary Sciences (ISAV) Mohammed Chérif
Messaadia University. Souk-Ahras, Algeria and Laboratory of Applied Genetic in Agriculture, Ecology and
Public Health
Algeria
amal.djaout@inraa.dz

Dich Samira

PhD in Applied Genetics at Laboratory of Applied Genetic in Agriculture, Ecology and Public Health
University of Tlemcen
Tlemcen, Algeria
samira.dich.bio@gmail.com

Dich Ibtissam

PhD in Applied Genetics at Laboratory of Applied Genetic in Agriculture, Ecology and Public Health
University of Tlemcen
Tlemcen, Algeria
ibtissam1300@hotmail.com

Heddami Hadi Youssouf

PhD in Applied Genetics at Laboratory of Applied Genetic in Agriculture, Ecology and Public Health
University of Tlemcen
Tlemcen, Algeria
hadiyousouf.heddami@univ-tlemcen.dz

Belharfi Fatima Zahra

Doctor in Applied Genetics at Laboratory of Applied Genetic in Agriculture, Ecology and Public Health
University of Tlemcen
Tlemcen, Algeria
belharfifatimazahra@gmail.com

Questionnaire utilisé en typologie

I. Caractéristiques de l'exploitation

- Statut des fermes
- Superficie de l'exploitation (en hectares)
- Ressources hydriques (Disponibilité d'eau)
- Bâtiment d'élevage

II. Informations générales sur les éleveurs

- Accueil des éleveurs
- Niveau scolaire
- Statut de l'éleveur
- Expérience de l'éleveur

III. Caractéristiques de l'élevage

- Nombre total d'ovins élevés
- Les races étudiées
- La pureté des races étudiées
- Le nombre des moutons étudié
- Présence d'autre élevage
- But principal de l'élevage

IV. Conduite d'élevage

- Mode d'élevage
- L'hygiène
- Les types d'aliments fournis aux ovins
- Recours à un vétérinaire
- Fréquence des soins vétérinaires
- Pratique des vaccins
- La reproduction
- Recours à la sélection ou à l'amélioration génétique

