

République Algérienne Démocratique  
et Populaire

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية  
الشعبية

Ministère de l'Enseignement Supérieur  
et la Recherche Scientifique

وزارة التعليم العالي و البحث العلمي

Ecole Nationale Supérieure Vétérinaire

المدرسة الوطنية العليا للبيطرة



## THESE

En vue de l'obtention du diplôme de Doctorat

En Sciences Agro-Vétérinaires

**Option : Amélioration génétique et reproduction des animaux**

**Thème :**

# Gestion et amélioration du potentiel génétique des populations caprines algériennes

**Présentée par :** Mr. TEFIEL Hakim

**Soutenue le :** 14/05/2018

Les membres du jury :

**Président :** Mr. HAMDI Taha Mossadak

Professeur (ENSV, Alger)

**Directeur de thèse :** Mr. GAOUAR Semir Bechir Suheil

Maître de Conférences A (Univ. Tlemcen)

**Co-directrice de thèse :** Mme. BOUDOUMA Dalila

Professeur (ENSA, Alger)

**Examinatrice :** Mme. AIN BAZIZ Hassina

Professeur (ENSV, Alger)

**Examinatrice :** Mme. TABET AOUEL Nacéra

Professeur (Univ. d'Oran I)

**Examinatrice:** Mme. BOUBLENTZA Lamia

Maître de Conférences A (Univ. Tlemcen)

Année universitaire : 2017/2018

## Remerciements

Au terme de ce travail je voudrais tout d'abord remercier ALLAH de m'avoir donné la force et la patience pour pouvoir réaliser ce travail

Je souhaite remercier en premier lieu mon directeur de thèse, **Mr. GAOUAR Semir Bechir Suheil**, Maître de Conférences A à l'université de Tlemcen, pour m'avoir accueilli au sein de son équipe, pour la confiance qu'il m'a témoigné en acceptant la direction scientifique de mes travaux, Je lui suis également reconnaissant pour le temps conséquent qu'il m'a accordé, ses qualités pédagogiques et scientifiques, sa franchise et sa sympathie, sa grande compétence, de sa rigueur intellectuelle, de son dynamisme, J'ai beaucoup appris à ses côtés et je lui adresse ma gratitude pour tout cela. Je suis très fier d'être un de ses étudiants pendant la post-graduation.

J'adresse de chaleureux remerciements à ma co-directrice de thèse, **Mme. BOUDOUMA Dalila**, Professeur à l'école nationale supérieure agronomique, Alger, pour son attention de tout instant sur mes travaux, pour ses conseils avisés et son écoute qui ont été prépondérants pour la bonne réussite de cette thèse. Son énergie et sa confiance ont été des éléments moteurs pour moi. J'ai pris un grand plaisir à travailler avec elle. Je suis très fier d'être un de ses étudiants pendant la post-graduation.

Je suis très honoré par la présence à mon jury de thèse de :

**Mr. HAMDI Taha Mossadak**, Professeur à l'ENSV qui me fait l'honneur de présider le jury de ma soutenance ; qu'il trouve ici l'expression de mes profonds remerciements.

**Mme. AIN BAZIZ Hassina**, Professeur à l'ENSV, pour l'honneur qu'elle me fait de participer à mon jury de thèse en qualité d'examinatrice, et pour le temps consacré à l'examen de cette thèse. Qu'elle trouve ici le témoignage de ma profonde reconnaissance.

**Mme. TABET-AOUEL Nacéra**, Professeur à l'université d'Oran1, pour sa participation à mon jury de thèse en qualité d'examinatrice, Qu'elle en soit sincèrement remerciée.

**Mme. BOUBLENZIA Lamia**, Maître de Conférences A à l'université de Tlemcen, qui a accepté de siéger au jury de ce travail, et pour sa bienveillance quant à l'examen de ce travail. Qu'elle trouve ici le témoignage de ma profonde reconnaissance.

Il m'est agréable d'adresser mes sincères remerciements à tous ceux qui m'ont apporté de près ou de loin, aide et conseils lors de l'élaboration de cette thèse de doctorat. Je voudrais remercier en particulier:

Le Professeur **Ibrahim CEMAL** de l'université d'ADNAN MENDERES, Aydin en Turquie, pour l'organisation de mon stage et ses conseils judicieux apportés tout au long de cette étude;

Le Professeur **Onur YILMEZ** de l'université d'ADNAN MENDERES, Aydin en Turquie, pour sa contribution à l'analyse statistique des données et à la rédaction de l'article.

Monsieur **Nezih ATA**, de l'université d'ADNAN MENDERES, Aydin en Turquie, pour sa précieuse aide au laboratoire de AgBioCenter, Université ADNAN MENDERES, tout au long de mon séjour.

Le Professeur **Zeynel DALKILIÇ** de l'université d'ADNAN MENDERES, Aydin en Turquie et Directeur du centre AgBioCenter pour son accueil chaleureux au laboratoire qu'il et pour son soutien logistique.

Enfin, j'adresse mes remerciements les plus chaleureux à, mon ami, **Dr. CHAHBAR Mohamed**, qui a été toujours présent à mes côtés, pour son soutien moral ininterrompu et ses nombreux conseils tout le long de la préparation de ma thèse.

**HAKIM.**

## DEDICACES

Je dédie ce modeste travail à mon très cher défunt père que j'adore et qui aurait été très content de cet heureux événement et qui aurait fait certainement sa fierté. Malgré son absence, il est toujours présent dans ma vie et m'accompagne dans toutes mes démarches. Son image restera gravée à jamais dans mon esprit. Que Dieu l'accueille dans son vaste paradis.

A ma très chère mère, ce travail n'est qu'un humble témoignage pour tout ce qu'elle a fait pour moi, Qu'elle trouve ici l'expression de mon affection, de mon grand respect et de ma reconnaissance pour toute l'aide, ses sacrifices et la patience dont elle a fait preuve tout au long de mes études.

A ma femme,

A mon Ange, Meriem.

A mes très chers frères et sœurs

Que Dieu nous garde toujours unis

Aux familles TEFIEL et MOHAMED CHERIF grands et petits

A Djilali Belcourt et toute sa famille.

A ma belle-famille.

HAKIM.

## Table des matières

Liste des tableaux .....	ix
Liste des figures.....	x
Liste des abréviations .....	xi
I. Introduction .....	1
Partie bibliographique .....	3
II. Etat de la biodiversité des races caprines dans le monde.....	3
2.1. L'élevage caprin dans le monde .....	3
2.1.1. La chèvre d'Europe .....	3
2.1.1.1. La race Alpine .....	3
2.1.1.2. La race Saanen.....	3
2.1.1.3. La race Poitevine .....	4
2.1.1.4. La race Maltaise .....	5
2.1.1.5. La race de Murcie.....	5
2.1.1.6. La race Toggenburg.....	5
2.1.2. La chèvre d'Asie .....	6
2.1.2.1. La race Angora .....	6
2.1.2.2. La race Cachemire.....	6
2.1.3. La chèvre d'Afrique .....	6
2.1.4. Les rameaux .....	6
2.1.4.1. Le rameau kurde.....	6
2.1.4.2. Le rameau Nubio-Syrien .....	7
2.1.4.3. Le rameau pyrénéen .....	7
2.2. La population caprine nord-africaine .....	7
III. Situation de l'élevage caprin dans le monde .....	7
3.1. Effectif caprin dans le monde.....	7
3.2. Productions caprines dans le monde.....	8
3.2.1. Production laitière .....	8
3.2.2. Production de viande .....	9
3.2.2. Production de peau .....	10
IV. Etat de la biodiversité des races caprines en Algérie .....	11
4.1. L'élevage caprin en Algérie .....	11
4.1. La population caprine en Algérie. ....	11
4.1.1. La population locale .....	11

4.1.2. Les races améliorées.....	14
4.1.3. La population croisée .....	14
V. situation de l'élevage caprin en Algérie .....	14
5.1. Effectif caprin en Algérie .....	14
5.2. Répartition géographique des caprins .....	16
5.3. Productions caprine en Algérie .....	16
5.3.1. Production laitière .....	16
5.3.2. Production de viande .....	17
5.3.3. Production de cuir.....	18
5.3.4. Production d'os.....	19
5.3.5. Production de Fumier .....	19
VI. Méthodes de caractérisation des animaux d'élevage .....	20
6.1. La méthode morfo-biométrique.....	20
6.2. Les méthodes biochimiques et moléculaires .....	21
6.2.1. Groupes sanguins .....	21
6.2.2. Protéines .....	22
6.3. Marqueurs moléculaires .....	22
6.3.1. ADN mitochondrial.....	22
6.3.2.. Marqueurs RFLP .....	23
6.3.3. Marqueurs RAPD .....	24
6.3.4. Marqueurs AFLP .....	24
6.3.5. Marqueurs minisatellites .....	25
6.3.6. Marqueurs microsattellites .....	25
6.3.7. Marqueurs SNP .....	28
VII. Programmes de conservation des ressources génétiques animales.....	28
Partie expérimentale .....	31
VIII. Présentation du travail .....	31
IX. Matériel et méthodes .....	33
9.1. Matériel utilisés .....	33
9.1.1. Structure de l'échantillonnage animale .....	33
9.1.2. Matériel du prélèvement sanguin : .....	34
9.2. Méthodes .....	35
9.2.1. Extraction de l'ADN génomique .....	35
9.2.1.1. Extraction d'ADN et dosage .....	35

9.2.1.2. Dosage de l'ADN .....	35
9.2.2. Choix des marqueurs microsatellites utilisés.....	37
9.2.3. Amplification <i>in vitro</i> de l'ADN par PCR .....	40
9.2.3.1. Principe de la PCR classique.....	40
9.2.3.2. PCR en Multiplex .....	40
9.2.4. Electrophorèse .....	41
9.2.5. Génotypage des microsatellites .....	44
9.2.6. Analyses statistiques : .....	46
9.2.6.1. Principes des analyses de génétique des populations .....	46
9.2.6.2. Equilibre de Hardy-Weinberg (EHW).....	47
9.2.6.3. Détection des allèles nuls .....	48
9.2.6.4. Taux de polymorphisme (PIC) .....	48
9.2.6.5. Le nombre allélique ( $N_a$ ).....	49
9.2.6.6. Nombre effectif d'allèles ou (Nombre efficace d'allèles) ( $N_e$ ).....	50
9.2.6.7. Taux d'hétérozygotie.....	50
9.2.6.7.1. Taux d'hétérozygotie observé ( $H_o$ ).....	50
9.2.6.7.2. Taux d'hétérozygotie attendue ( $H_e$ ).....	51
9.2.6.8. Nei statistiques (1973).....	51
9.2.6.9. F statistiques de Wright. ....	52
9.2.6.10. Flux des gènes .....	55
9.2.6.11. Distances génétiques et arbres de classification .....	55
9.2.6.12. Distance standard de Nei (1972) .....	56
9.2.6.13. Méthodes de construction des dendrogrammes.....	56
9.2.6.14. Méthode "Neighbor-Joining" .....	56
9.2.6.15. Analyse factorielle des correspondances (AFC) .....	57
9.2.6.16. Méthodes de clustering.....	58
X. Résultats et discussion.....	61
10.1. Qualité des ADN utilisés .....	61
10.2. Electrophorèse .....	61
10.3. Résultats de génotypage avec le séquenceur .....	61
10.3.1. Nombre d'allèles détectés .....	61
10.3.2. Nombre moyen effectif des allèles .....	63
10.3.3. Contenu d'information polymorphe (PIC):.....	64
10.3.4. Les F statistiques de Wright ( $F_{IS}$ , $F_{IT}$ , $F_{ST}$ ) .....	65

10.3.5. Hétérozygotie moyenne ( $\hat{H}$ ) : .....	68
10.3.6. Hétérozygotie observée ( $H_o$ ) et Hétérozygotie attendue ( $H_e$ ) : .....	69
10.3.7. Fréquence d'allèle nulle $F(\text{Null})$ : .....	71
10.3.8. L'équilibre de Hardy-Weinberg (HWE): .....	71
10.3.9. La diversité génétique de Nei ( $H_T$ ), la diversité entre les races ( $D_{ST}$ ) et coefficient de différenciation des gènes ( $G_{ST}$ ).....	72
10.3.10. Le flux génétique ( $Nm$ ) .....	73
10.3.11. Nombre moyen d'allèles (MNA): .....	73
10.3.12. Hétérozygotie moyenne observée ( $H_o$ ) : .....	74
10.3.13. Hétérozygotie moyenne attendue ( $H_e$ ) : .....	74
10.3.14. Déficit d'hétérozygotie intra-race ( $F_{IS}$ ) : .....	75
10.3.15. Nombre d'allèles privés (NPA):.....	75
10.3.16. Nombre de locus ne se trouvant pas en équilibre de Hardy-Weinberg ( $P < 0,05$ ) (HWE) : .....	75
10.3.17. Distances génétiques et établissement des relations phylogéniques.....	76
XI. Conclusion générale .....	85
XII. Perspectives et recommandations .....	86
XIII. Références bibliographiques : .....	88
IVX. Annexes.....	105
VX. Résumé .....	120
VIX. Abstract .....	121
XIIV. ملخص.....	122

## Liste des tableaux

Tableau 1 : Hauteur au garrot moyenne (cm) de quelques races européennes.....	5
Tableau 2: Evolution du cheptel caprin dans le monde (en millions de tête).....	8
Tableau 3: Caractéristiques zootechniques de quelques races dans le monde. ....	9
Tableau 4 : Evolution de la production de laitière caprine dans le monde ( $10^3$ tonnes).....	9
Tableau 5 : Evolution de la production de viande caprine dans le monde ( $10^3$ tonnes) .....	10
Tableau 6 : Évolution de la production de peau caprine dans le monde ( $10^3$ tonnes) .....	10
Tableau 7: Evolution des effectifs bovins, ovins, caprins, camelins de 2000 à 2016 (million de têtes) 15	
Tableau 8: Evolution de la production laitière caprine en Algérie (source : F.A.O. 2018).....	16
Tableau 9 : Aptitude laitière de race locale dans la région de Laghouat et Tizi-Ouzou (Benaissa, 2008) .....	17
Tableau 10 : Evolution de la production de viande caprine en Algérie (source : F.A.O. 2018) .....	18
Tableau 11 : Evolution de la production de peau caprine en Algérie (source : F.A.O. 2018).....	19
Tableau 12 : Le tableau résume quelque caractéristique morphométrique des nos race caprines locale (Kerba, 1995).....	21
Tableau 13: Nombre retenu de caprins de chaque race .....	34
Tableau 14: Détails sur les microsattellites utilisés dans l'étude. (FAO, 2011).....	39
Tableau 15 : Protocole de PCR Touch down .....	41
Tableau 16 : Résultats de mesures effectuées avec le NanoDrop 2000 sur les ADN des quatre races caprines étudiées.....	61
Tableau 17 : Paramètres du polymorphisme génétique des 18 loci étudiés .....	72
Tableau 18. Paramètres de polymorphisme génétique selon les races de chèvre étudiées sur 18 loci ..	74
Tableau 19. Matrice de distance génétique de Nei (au-dessus de la diagonale) et matrice de distance génétique (au-dessous de la diagonale) de Nei.....	76
Tableau 20 : Probabilités postérieures estimées [ $\ln Pr (X   K)$ ] pour différents nombres de groupes (K) et $\Delta K$ statistique. ....	79

## Liste des figures

Figure 1. Informations nécessaires pour l'établissement des stratégies de gestion. ....	30
Figure 2 : Démarche méthodologique .....	33
Figure 3: Répartition représentative des sites échantillonnés à l'échelle nationale (Source : Google maps 2018) .....	34
Figure 4: NanoDrop 2000 Thermo Scientific.....	36
Figure 5: Principe de fonctionnement du NanoDrop 2000 Thermo Scientific (source : NanoDrop 2000/2000c Spectrophotometers - User Manual, 2009).....	37
Figure 6: Schéma du principe de base de la PCR.....	40
Figure 7 : Matériel utilisé pour la préparation de la PCR.....	41
Figure 8 : Fabrication de gel d'agarose .....	42
Figure 9 : Coulage de solution d'agarose dans le plateau .....	43
Figure 10 : Lancement de l'électrophorèse .....	44
Figure 11: Plateau des échantillons .....	45
Figure 12 : Plateau de nettoyage des capillaires.....	45
Figure 13: Début de génotypage des échantillons .....	46
Figure 14 : Nombre moyen d'allèles détectés par locus.....	63
Figure 15 : Nombre moyen effectif des allèles détectés par locus .....	64
Figure 16 : Valeurs du PIC par locus .....	65
Figure 17 : Valeurs de $F_{IS}$ pour chaque microsatellite .....	66
Figure 18 : Valeurs de $F_{IT}$ pour chaque microsatellite .....	67
Figure 19 : Valeurs de $F_{ST}$ pour chaque microsatellite.....	68
Figure 20 : Hétérozygotie moyenne ( $\hat{H}$ ) pour chaque locus.....	69
Figure 21 : Hétérozygotie observée ( $H_o$ ) par locus.....	69
Figure 22 : Hétérozygotie attendue ( $H_e$ ) par locus.....	70
Figure 23 : Fréquences des allèles nulle F(Null) par locus .....	71
Figure 24 : Dendrogramme réalisé par la méthode NJ en fonction des distances génétiques minimales de Nei (méthode de rééchantillonnage bootstrap (1000 répliques). ....	77
Figure 25 : Résultats de la structure génétique de la population étudiés obtenus par le logiciel « STRUCTURE».....	78
Figure 26 : Résultats de l'analyse de la correspondance factorielle (FCA) .....	78
Figure 27 : Probabilités postérieures estimées [ $\ln Pr(X   K)$ ] pour différents nombres de groupes (K) et $\Delta K$ statistique. ....	80

## Liste des abréviations

AFC : Analyse Factorielle des Correspondances

cM: Centimorgan

D-loop : Displacement loop

dNTP : DésoxyNucléotides TriPhosphates

DO : Densité optique

D<sub>ST</sub> : Diversité entre populations

EDTA : Ethylène diamine tétra acétique

EHW : Equilibre de Hardy-Weinberg

F<sub>IS</sub>: Indice de Fixation

G<sub>ST</sub> : Coefficient de différenciation génétique

He : Taux d'hétérozygotie attendue

Hobs : Taux d'hétérozygotie observé

ISAG: International Society for Animal Genetics

K : Cluster

Pb : Paires de bases

QTL : "Quantitative Trait Loci " : caractère quantitatif d'intérêt économique

RAPD: Random amplified polymorphic DNA

RFLP: Restriction fragment length polymorphism

RGA : Ressources génétiques animales

SNP: Single nucleotide polymorphism

STR: Short tandem repeats

Taq: *Thermus aquaticus*

TB : Taux Butyreux

TP : Taux Protéique

VNTR: Variable Number of Tandem Repeat

# **INTRODUCTION**

## **I. Introduction**

Comme dans la plupart des pays de la région méditerranéenne, la chèvre (*Capra hircus*) est considérée comme le ruminant le plus prolifique de tous les ruminants domestiques, particulièrement en conditions climatiques difficiles. Cette caractéristique est en rapport avec sa capacité à s'adapter à différentes conditions environnementales, aux fluctuations nutritionnelles, à sa résistance aux maladies et à sa capacité à survivre dans des systèmes à faible apport (**Serrano *et al.*, 2009**).

En Algérie, les races de chèvres indigènes, jouent un rôle majeur dans l'utilisation des ressources disponibles dans les systèmes extensifs de production et dans les zones marginales, contribuant ainsi à la stabilité environnementale et socio-économique (**Nedjraoui, 2006**).

Les chèvres sont généralement appelées « vache des pauvres » en raison du rôle important qu'elles jouent dans la vie économique des agriculteurs pauvres dans le système agricole traditionnel. Outre leur production de viande, de lait, de poils et de peau de haute qualité, les chèvres représentent également un capital financier pour l'éleveur pouvant facilement être mis en vente en situation de précarité.

Les races algériennes Arbia (AR), Mekatia (ME), M'zabite (MO) et Naine de Kabylie (NK) sont appréciées pour leur qualité de viande et leur production de lait. La conservation de la diversité biologique est une étape importante non seulement pour protéger les ressources génétiques des animaux d'élevage, mais aussi pour maintenir les options futures d'élevage, afin de satisfaire les exigences du marché dans un contexte de contraintes climatiques de plus en plus importantes. (**Criscione *et al.*, 2016**).

Les marqueurs microsatellites se sont déjà avérés être des outils importants et efficaces pour l'analyse de la diversité en raison de leur haut degré de polymorphisme, de leur répartition aléatoire sur l'ensemble du génome, de la codominance, de la possibilité d'identification automatisée des génotypes et de la neutralité avec la sélection (**Ligda *et al.*, 2009**).

L'utilisation des marqueurs microsatellites pour la caractérisation génétique des populations domestiques algériennes suscite un intérêt croissant. En effet, depuis près d'une décennie, des travaux ont été menés dans cette perspective à l'échelle nationale : **Gaouar *et al.*, (2005, 2011, 2014, 2015a, 2015b, 2016)**, **Djaout *et al.*, (2017)** et **Ameur Ameur *et al.*,**

(2017) sur la population ovine, (Harek *et al.*, 2015, Cherifi *et al.*, 2013, 2017, Holl *et al.*, 2017) sur les dromadaires (Mahammi *et al.*, 2014, 2015) sur les poulets et l'étude de Berber *et al.*, (2014) menée sur les équins. La variabilité génétique et les relations s'établissant entre les diverses races de chèvres algériennes n'ont pas été étudiées.

Avec l'afflux de races importées au cours des dernières années telles que la Saanen, l'Alpine de l'Europe ainsi que la race Chami provenant des frontières orientales de l'Algérie, il existe des risques de dilution de plusieurs traits supérieurs des races indigènes qui sont responsables de leur adaptation spéciale à leur environnement dominant.

La première étape à engager en vue de la conservation et de l'exploitation de la biodiversité des animaux domestiques est l'étude approfondie de la variabilité génétique existante chez ces races (Iamartino *et al.*, 2005). Il apparaît donc indispensable d'établir un diagnostic relatif à la variabilité génétique et les potentiels existants des races caprines locales.

Cette étude vise donc à étudier l'ampleur de cette variabilité génétique et à caractériser les relations génétiques entre 4 races de chèvres algériennes en utilisant 18 microsatellites.

Les résultats obtenus nous permis d'estimer la variabilité de chaque race à partir des fréquences alléliques et génotypiques. Les applications, à moyen terme, seraient :

- De prévenir l'extinction des races et d'en planifier leurs conservations,
- De mettre au point un programme de sélection qui valorise notre potentiel génétique locale.

**PARTIE**  
**BIBLIOGRAPHIQUE**

## **Partie bibliographique**

### **II. Etat de la biodiversité des races caprines dans le monde**

#### **2.1. L'élevage caprin dans le monde**

##### **2.1.1. La chèvre d'Europe**

###### **2.1.1.1. La race Alpine**

La chèvre de race alpine est, comme son nom l'indique, originaire du massif alpin de France et de Suisse. Elle est rustique et s'adapte parfaitement à la stabulation, au pâturage ou à la vie en montagne. Elle est de taille et de format moyens, animal à poil ras, sa robe peut être de couleur: noire ou blanche. La couleur «chamoisée» avec pattes et raie dorsale noires et une polychrome comportant des taches blanches dans une robe noire ou brune est la plus courante (**Babo, 2000**). (**Annexe 1**)

Sa tête est triangulaire, cornue ou non, avec ou sans pampilles, avec ou sans barbiche ; elle est de longueur moyenne avec front et mufler larges, son profil est concave, le cou est fin, les yeux saillants, les oreilles sont portées dressées en cornet assez fermé (**Gilbert, 2002**).

La poitrine est profonde, le bassin est large et peu incliné, l'encolure dégagée, le dos droit, la croupe large un peu inclinée. Les membres sont solides et les articulations sèches donnent des aplombs corrects. Les mamelles sont volumineuses, bien attachées, avec une peau souple et fine. L'Alpine est une forte laitière, les trayons, distincts de la mamelle, sont dirigés vers l'avant et sensiblement parallèles.

Le poids vif moyen des boucs est de 80 à 100 kg, celui des femelles varie 50 à 70 kg (**Capgène, 2007**).

La chèvre Alpine présente des caractéristiques laitières intéressantes se traduisant selon **Capgène (2007)** par une production moyenne par lactation de 790 kg pour une lactation de 268 jours, avec 32,4 g/kg de Taux Protéique (TP) et 37,3 g/kg de taux butyreux (TB).

###### **2.1.1.2. La race Saanen**

Originaire de la vallée de Saane en Suisse, la chèvre de race Saanen est un animal de fort développement, possédant une bonne charpente osseuse. Le bouc a un poids vif moyen de 80 Kg à 120 Kg tandis que celui de la chèvre oscille entre 50 à 90 Kg (**Capgène, 2007**). Sa

robe est à poil court, blanc, dense et soyeux à l'origine de son appellation de « blanche de Gessenay ». La tête, dépourvue ou non de cornes, de pampilles, ou de barbiche, présente un front large et plat (**Holmes-Pegler, 1966**).

Les oreilles sont portées à l'horizontale, la poitrine est profonde, large et longue. L'épaule est large et bien attachée avec un garrot fermé et bien en viande. Les aplombs de la chèvre Saanen sont corrects et lui assure une allure régulière. La mamelle est globuleuse, très large à sa partie supérieure ce qui lui donne un développement plus fort en largeur qu'en profondeur. (**Gilbert, 2002**).

La Saanen est une des meilleures chèvres productrices de lait dans le monde ; elle donne surtout d'excellents chevreaux dont la viande est très appréciée, (**Holmes-Pegler, 1966 ; Gilbert, 2002**). La production laitière moyenne de cette race de chèvres est par lactation, de 800 kg en 270 jours, avec un TP de 31.3 g/kg et un TB de 35.3 g/kg (**Capgène, 2007**). (**Annexe 2**)

### **2.1.1.3. La race Poitevine**

Selon **Quittet (1977)**, La chèvre Poitevine dite également "en cape de Maure", est un animal de format moyen et d'aspect longiligne, sa robe est d'un brun plus ou moins foncé allant jusqu'au noir. Les poils sont demi-longs au niveau du sur le dos et des cuisses. La face intérieure des membres, le dessous du ventre et de la queue sont blancs ou très clairs. La face comporte une raie blanche de chaque côté du chanfrein encadrant une tête fine, triangulaire, généralement sans cornes, avec ou sans barbiche et pampilles, le front et le chignon sont assez droits (**Holmes-pegler, 1966**). (**Annexe 3**)

Le poids vif moyen des boucs varie de 55 à 75 kg, celui des femelles oscille entre 40 à 70 kg (**Capgène, 2007**).

Le corps est volumineux, la poitrine profonde, le cou est long et souple, le port de tête fier, la mamelle allongée et régulière, présente une peau souple.

**Capgène, (2007)** rapporte que la chèvre Poitevine a une production laitière moyenne par lactation de 492 kg en 242 jours, avec un TP de 30.9 g/kg et un TB de 35.7 g/kg. Ces caractéristiques lui donnent un profil moins recherché en transformation fromagère

#### **2.1.1.4. La race Maltaise**

Elle est aussi appelée la chèvre de Malte et est rencontrée dans les régions littorales européennes. Elle a un format moyen et une robe généralement blanche à poils longs. Cette chèvre est caractérisée par un chanfrein busqué, une oreille plus ou moins tombante, une tête longue à profil droit et un dos long et bien horizontal. La chèvre Maltaise est une bonne productrice de lait (Holmes-pegler, 1966; Charlet et Le-Jaowen, 1975). (Annexe 4)

#### **2.1.1.5. La race de Murcie**

Son berceau d'origine est la province du Murcie. Elle se caractérise par une tête fine, des oreilles portées horizontalement, les cornes sont rares, l'encolure longue, le corps est long arrondi à poils ras sur le corps, la robe est acajou variant de l'alezan au brulé parfois noire, c'est un animal rustique, mais ses qualités laitières sont développées (Dekkiche, 1987). (Annexe 5)

#### **2.1.1.6. La race Toggenburg**

Selon French (1971), cette race est originaire de la province de Toggenburg, mais elle tend à connaître une plus large expansion en raison de ses aptitudes laitières ; les animaux de cette race sont exportés en Allemagne et en Angleterre. (Annexe 6)

Sa robe est brune claire portent deux bandes grisâtres sur les joues, l'extrémité du nez est grise ainsi que le poil des jambes jusqu'aux genoux et au bord des oreilles. Le poids vif moyen adulte atteint 63 kg pour les mâles, et 45 kg pour les femelles.

Les chèvres Toggenburg sont de bonnes laitières, mais le rendement est inférieur à celui des Saanen.

Les hauteurs au garrot de quelques races européennes sont résumées dans le tableau 1.

Tableau 1 : Hauteur au garrot moyenne (cm) de quelques races européennes

<b>Races</b>	<b>Mâles</b>	<b>Femelles</b>
<b>L'Alpine Chamoisée</b>	100	80
<b>La Saanen</b>	100	80
<b>La Poitevine</b>	95	75
<b>La Muriciana</b>	77	70
<b>La Toggenburg</b>	75 à 83	70 à 80

Source:F.A.O (2000).

## **2.1.2. La chèvre d'Asie**

Les races les plus développées ont été et sont encore les races lainières, telles que les races Angora, Cachemire

### **2.1.2.1. La race Angora**

Originnaire de l'Himalaya, la chèvre Angora, après un processus de domestication en Asie mineure, a été introduite dans la région d'Ankara, en Turquie, d'où son nom (**Holmes-Pegler, 1966, Charlet et Le-Jaowen, 1977**).

C'est une race de format réduit, avec une petite tête avec des oreilles pendantes. La laine est blanche, la toison est bouclée ou frisée. Elle est rustique, a un bon rendement lainier, suite à la production des fibres mohair de très haute qualité. Ses productions de viande et sur tout de lait sont réduites (**Corsy, 1991**). (**Annexe 7**)

### **2.1.2.2. La race Cachemire**

Elle est originaire du Cachemire (entre l'Inde et le Tibet). Elle est rustique et résiste au climat froid. C'est une race de petit format, élevée principalement pour sa toison de qualité supérieure (**Holmes-Pegler, 1966; Quittet, 1977**) (**Annexe 8**)

## **2.1.3. La chèvre d'Afrique**

La population caprine d'Afrique est formée essentiellement par la race Nubienne, qui se caractérise par une taille moyenne (60 à 70 cm), une tête étroite, avec des oreilles longues, larges, et pendantes. La robe est à poil court, de couleur roux plus au moins foncé. Selon **Fantazi (2004)**, la chèvre de race Nubienne est la plus connue des chèvres africaines.

## **2.1.4. Les rameaux**

D'après **Charlet et Le Jaouen, (1977)**, la chèvre domestique existe en méditerranée depuis très longtemps, elle se répartit en trois rameaux assez différents, qu'il s'agisse de rameaux autochtones ou introduits par invasion.

### **2.1.4.1. Le rameau kurde**

Ce rameau est formé par des animaux de taille moyenne, à poils longs et de bonne qualité, à cornes spiralées, à oreilles de longueur moyenne ; l'aptitude à la production de viande est assez bonne, mais reste faible pour le lait. Les principaux sujets de ce rameau sont

apparentés à la race Angora et à la population de type Balkanique. **Charlet et Le Jaouen, (1977)**

#### **2.1.4.2. Le rameau Nubio-Syrien**

Ces sujets se distinguent nettement des précédents par une taille assez élevée, un profil busqué chez le mâle et de longues oreilles tombantes. L'aptitude laitière est en général assez remarquable. Le rameau Nubien est en général à poils courts.

#### **2.1.4.3. Le rameau pyrénéen**

La chèvre pyrénéenne est caractérisée par de longs poils une grande taille, un fort squelette et des cornes longues. C'est une productrice à la fois de viande et de lait mais ces productions sont en baisse en raison du métissage avec les races améliorées. La Serrana est le représentant le plus connu de ce rameau. Cette population, localisée dans les zones montagneuses de l'Espagne, a été améliorée pour la production de la viande, les sujets de grande taille, et de grande précocité ont été recherchés par le biais du programme d'amélioration.

### **2.2. La population caprine nord-africaine**

En Afrique du Nord, **Fantazi (2004)** a rapporté l'existence d'une population indigène autrefois très importante, formée de sujet de taille moyenne, assez gros et très résistants, et aux poils longs et généralement noirs.

Les cornes et les poils la rapprochent du type Kurde, mais les oreilles un peu tombantes la rapprochent du type Nubio-Syrien. Elle présente une bonne aptitude à la production de la viande, mais également à celle du lait. De ce fait, elle assurait à la famille du pasteur une source non négligeable de protéines. Les poils de populatin de chèvre étaient utilisés pour la confection des tentes et des cordes réputées pour leur solidité.

## **III. Situation de l'élevage caprin dans le monde**

### **3.1. Effectif caprin dans le monde**

Selon les estimations de la **F.A.O, (2018)**, le cheptel caprin mondial aurait augmenté de plus de 33,42% entre 2000 et 2016.

L'essentiel de cette progression a été observé en Asie qui détient plus de la moitié (55,44 %) de l'effectif caprin mondial. Dans cette région, la croissance du cheptel a été évaluée entre 2000 et 2016 à 21,18 %.

Le continent africain détient 38,65 % du cheptel caprin mondial, il est suivi par l'Amérique, (3,78 % du cheptel), puis l'Europe, (1,7 %) et l'Océanie avec (0,43 %) tel que indiqué par le Tableau 2.

Tableau 2: Evolution du cheptel caprin dans le monde (en millions de tête).

	2000	2003	2006	2009	2012	2013	2014	2015	2016
<b>Afrique</b>	236,6	261,1	281,7	323,5	354,1	368,8	373,7	376,4	387,7
<b>Amérique</b>	34,8	36,6	38,0	37,3	35,5	35,6	35,4	37,4	37,9
<b>Asie</b>	458,8	471,1	499,0	522,7	525,5	529,1	534,7	544,4	556,0
<b>Europe</b>	18,9	19,1	17,9	17,5	17,3	17,3	17,1	17,0	17,0
<b>Océanie</b>	2,4	3,0	3,7	3,8	4,0	4,0	4,0	4,0	4,3
<b>Monde</b>	751,6	790,8	840,4	904,9	936,4	954,7	964,9	979,2	1002,8

Source: F.A.O(2018).

## **3.2. Productions caprines dans le monde**

### **3.2.1. Production laitière**

Les races Saanen et Alpine sont les races laitières les plus couramment citées pour leur haut rendement laitier. Elles sont d'ailleurs considérées comme les races caprines dont l'élevage est le plus important au monde. La race Saanen est caractérisée par une production de 894 Kg de lait à 3,31% de MG et 3,02% de protéines en 296 jours. Quant à l'Alpine, sa production moyenne de lait est selon **Vanwarbeck (2008)** de l'ordre de 842 Kg de lait à 3,53% de MG et 3,15% de protéines en 290 jours.

Selon **l'institut des élevages en France (2007)**, la production laitière moyenne par lactation de la race Alpine française est de 790 kg en 268 jours.

Dans le tableau 3 sont rapportées les performances de production laitière de 3 races caprines.

Tableau 3: Caractéristiques zootechniques de quelques races dans le monde.

<b>Races</b>	<b>Durée de lactation (en jours)</b>	<b>Production laitière par lactation(en Kg)</b>
<b>L'Alpine chamoisée</b>	280	800
<b>La Saanen</b>	280	900
<b>La Murciana</b>	210	500

**Source :** F.A.O (2000).

Il apparait à travers les valeurs tabulées que races Alpine et Saanen sont des bonnes laitières.

**Capgène, (2007)** rapporte que la race Saanen est la meilleure laitière dans le monde avec une moyenne de production journalière de 3,21 Kg.

Tableau 4 : Evolution de la production de laitière caprine dans le monde (10<sup>3</sup> tonnes)

	<b>2000</b>	<b>2003</b>	<b>2006</b>	<b>2009</b>	<b>2012</b>	<b>2013</b>	<b>2014</b>	<b>2015</b>	<b>2016</b>
<b>Afrique</b>	3126,40	3326,70	3799,99	4212,25	4483,59	4170,20	4193,19	3912,09	3928,72
<b>Amérique</b>	675,98	685,42	724,69	722,65	768,87	773,31	714,50	737,10	751,82
<b>Asie</b>	6388,83	7173,05	7447,73	8293,12	9213,32	9387,50	9576,19	9835,89	8043,75
<b>Europe</b>	2515,48	2633,70	2693,43	2672,54	2655,45	2622,44	2620,57	2551,07	2537,79
<b>Océanie</b>	0,03	0,04	0,04	0,04	0,05	0,05	0,04	0,04	0,04
<b>Monde</b>	12706,71	13818,91	14665,89	15900,61	17121,28	16953,50	17104,50	17036,18	15262,12

**Source: F.A.O(2018)**

Selon les estimations de la **F.A.O (2018)**, la production laitière caprine mondiale aurait augmenté de plus de 20 % entre 2000 et 2016.

L'essentiel de cette progression s'est produit en Asie qui détient la grande partie de la production mondiale avec 52,70 %. Ces productions ont augmenté d'environ 25 % entre 2000 et 2016. En seconde position vient le continent africain avec 25.74 % de la production mondiale, puis l'Europe, avec 16,62 %, l'Amérique, avec 4,92 % et l'Océanie avec 0,0003 % de la production mondiale.

### **3.2.2. Production de viande**

L'évolution de la production de viande caprine dans le monde est résumée dans le tableau 5.

Tableau 5 : Evolution de la production de viande caprine dans le monde (10<sup>3</sup> tonnes)

	2000	2003	2006	2009	2012	2013	2014	2015	2016
<b>Afrique</b>	905,4	1019,7	1104,1	1212,4	1219,6	1248,8	1244,4	1240,8	1244,1
<b>Amérique</b>	121,3	124,1	125,5	126,7	123,9	123,9	123,4	127,6	127,0
<b>Asie</b>	2587,1	2802,2	3180,2	3451,2	3702,4	3784,3	3920,1	4024,7	4113,6
<b>Europe</b>	139,4	141,9	132,1	130,5	130,7	125,8	106,2	98,2	98,9
<b>Océanie</b>	13,0	17,8	21,1	27,3	31,2	33,3	34,5	35,4	37,6
<b>Monde</b>	3766,2	4105,7	4562,9	4948,2	5207,8	5316,1	5428,6	5526,8	5621,3

**Source: F.A.O(2018)**

Selon les estimations de la **F.A.O (2018)**, la production de viande caprine mondiale aurait augmenté de plus de 49,25% entre 2000 et 2016.

L'essentiel de cette progression s'est produit en Asie qui détient la grande partie de la production mondiale avec 73,17 %. Ces productions ont augmenté d'environ 59 % entre 2000 et 2016.

En seconde position vient le continent africain avec 22,16 % de la production mondiale, L'Amérique, avec 2,25 %, et l'Europe, avec 1,75 % et l'Océanie avec 0,67 % de la production mondiale.

### **3.2.2. Production de peau**

Outre le lait et la viande, la chèvre est également exploitée pour son poil. Dans le tableau 6, sont rapportés les tonnages de peau de chèvre des principaux pays producteurs.

Tableau 6 : Évolution de la production de peau caprine dans le monde (10<sup>3</sup> tonnes)

	2000	2003	2006	2009	2012	2013
<b>Afrique</b>	163,593	184,252	209,429	229,874	228,46	230,478
<b>Amérique</b>	22,7	23,051	22,936	22,858	22,601	22,311
<b>Asie</b>	651,182	705,736	769,656	882,707	945,701	966,372
<b>Europe</b>	21,919	21,851	22,839	22,438	20,364	18,853
<b>Océanie</b>	3,599	4,612	7,024	7,794	7,988	8,007
<b>Monde</b>	862,992	939,502	1031,883	1165,671	1225,114	1246,022

**Source: F.A.O(2018)**

Selon les estimations de la **F.A.O (2018)**, la production de peau caprine mondiale aurait augmenté de plus de 44,38 % entre 2000 et 2013.

L'essentiel de cette progression s'est produit en Asie qui détient la grande partie de la production mondiale avec 77,55 %. Les productions Asiatiques ont augmenté d'environ 48,40 % entre 2000 et 2013.

En seconde position vient le continent africain avec 18,49 % de la production mondiale, L'Amérique, avec 1,79 %, et l'Europe, avec 1,51 % et l'Océanie avec 0,64 % de la production mondiale.

## **IV. Etat de la biodiversité des races caprines en Algérie**

### **4.1. L'élevage caprin en Algérie**

En Algérie, l'élevage caprin constitue une des activités agricoles les plus traditionnelles, associé toujours à l'élevage ovin, et localisé essentiellement dans les régions d'accès difficile.

#### **4.1. La population caprine en Algérie.**

Le cheptel caprin Algérien est très hétérogène et composé par des animaux de population locale à sang généralement Nubien (**Bey et Laloui, 2005**). Outre les populations locales, il est également retrouvé des populations introduites et des populations croisées.

##### **4.1.1. La population locale**

Elle est composée de plusieurs races dont essentiellement:

- La race Arbia
- La race Mekatia
- La race la naine de Kabylie
- La race M'zabite

##### **4.1.1.1. La chèvre de race ARBIA**

La chèvre Arbia dite population Arabo-maghrébine, serait attachée à la race Nubienne ; c'est la population la plus dominante. Elle est localisée surtout dans les hauts plateaux, les zones steppiques et semi-steppiques. Elle se caractérise par une taille basse de 50-70 cm, une tête dépourvue de cornes avec des oreilles longues, larges et pendantes. Sa robe est polychrome et présente fréquemment du blanc associé à du roux, du noir et du gris, avec des poils longs de 12-15 cm. Cet animal est parfaitement adapté aux contraintes des parcours et semble posséder de bonnes aptitudes de reproduction. Cet animal est

principalement élevé pour la viande de chevreaux même si son lait, produit en faible quantité (1,5 litre par jour) présente un intérêt indéniable. (**Annexe 9**)

D'après **Hellal, (1986), Dekkiche, (1987), et Madani et al.,(2003)**, deux types se distinguent : le sédentaire et le transhumant.

- **Le type sédentaire:** il possède une taille moyenne de 70 cm pour le mâle et de 63 cm pour la femelle, avec des poids respectifs de 50 kg et 35 kg. Le corps est allongé avec un dessus droit rectiligne dont le chanfrein est droit. Le poil est long, de 10 à 17 cm, et polychrome blanc, pie noir, et brun. La tête est d'une couleur unie ou avec des listes, porte des cornes moyennement longues et dirigées vers l'arrière, et des oreilles assez longues (17 cm), la production laitière est de 0,5 litre par jour.
- **Le type transhumant:** sa taille moyenne est de 74 cm pour le mâle et de 64 cm pour la femelle, leurs poids respectifs étant de 60 kg et 32 kg. Le corps allongé, dessus droit rectiligne, mais convexe chez certains sujets. Poils longs de 14 à 21cm où la couleur pie noir domine. La tête porte des cornes assez longues dirigées vers l'arrière (surtout chez le mâle) dont les oreilles sont très larges, la production laitière est de 0,25-0,75 litre par jour (**Kerba, 1995**).

#### **4.1.1.2. La chèvre MEKATIA**

Appelé aussi la chèvre « Beldia », d'après **Guelmaoui et Abderehmani, (1995)**, elle est originaire d'Ouled Nail, et est localisée dans la région de Laghouat, généralement conduite en association avec la chèvre Arbia sédentaire.

Selon **Hellal (1986)**, la chèvre Mekatia présente un corps allongé à dessus droit, au chanfrein légèrement convexe chez quelques sujets, à la robe variée de couleur grise, beige, blanche et brune à poils ras et fins de longueur entre 3-5 cm, et des oreilles tombantes. Elle est exploitée principalement pour la production de lait et de viande et spécialement pour la peau et le cuir (**Madani et al., 2003 ; Beyb et Laloui, 2005**).

Selon **Kerba (1995)**, la tête est forte chez le mâle et chez la femelle, elle porte des cornes dirigées vers l'arrière, possède une barbiche et deux pendeloques (moins fréquentes). Les oreilles sont longues et tombantes et peuvent atteindre 16 cm de longueur. Le poids est de 60 kg pour le mâle et 40 kg pour la femelle, alors que la hauteur au garrot est respectivement de

72 cm et 63cm. La mamelle est bien équilibrée de type carrée, haute et bien attachée, les 2/3 des femelles ont de gros trayons, la production laitière est de 1 à 2 litres par jour.(Annexe 10)

#### **4.1.1.3. La chèvre KABYLE «Naine de Kabylie»**

Selon **Guelmaoui et Abderehmani (1995)**, la chèvre KABYLE est considérée comme descendante de la chèvre *Pamel capra promaza*.

D'après **Pedro (1952)**, **Hellal (1986)**, c'est une chèvre autochtone qui peuple les massifs montagneux de la Kabylie et des Aurès. Elle est robuste, massive, mais de petite taille (66 cm, pour le mâle et 62 cm pour la femelle) d'où son nom de «Naine de Kabylie». La longueur du corps est de 65-80 cm, avec des poids respectifs de 60 kg et 47 kg pour le mâle et la femelle.

Le corps est allongé avec un dessus droit et rectiligne, la tête est fine, porte des cornes dirigées vers l'arrière, la couleur de la robe varie du noir au blanc, en passant par: le beige, le roux, le pie rouge et le pie noir.

Les oreilles sont petites et pointues pour les sujets à robe blanche, et moyennement longues chez les sujets à robe beige, le poil est long (46 % des sujets entre 3-9 cm) et court (54 % des sujets) ne dépassant pas 3 cm.

Sa production laitière est mauvaise, elle est élevée pour la production de viande qui est de qualité appréciable. (Annexe 11)

#### **4.1.1.4. La chèvre M'ZABITE**

Dénommée aussi «la chèvre rouge des oasis». Elle est originaire de Metlili ou Berriane (wilaya de Ghardaïa). Elle se caractérise par un corps allongé, droit et rectiligne, la taille est de 68 cm pour le mâle, et 65 cm pour la femelle, avec des poids respectifs de 50 kg et 35 kg. La robe est de trois couleurs : le chamois qui domine, le brun et le noir, le poil est court (3-7cm) chez la majorité des individus, la tête est fine, portant des cornes rejetées en arrière lorsqu'elles existent, le chanfrein est convexe, les oreilles sont longues (15cm) et tombantes (**Hellal, 1986**).

D'après **Feliachi, (2003)** et **Bey et Laloui, (2005)**, cette race réalise deux mises bas en moyenne par an avec des taux de prolificité et de fécondité respectifs de 200 et 250%, elle est principalement laitière par excellence (2-3 litres/jours), elle présente indéniablement d'immenses intérêts zootechniques et économiques. (Annexe 12)

#### **4.1.2. Les races améliorées**

Ce sont des races introduites en Algérie depuis la période coloniale, dans le cadre d'une stratégie d'amélioration génétique du cheptel caprin, il s'agit de la Maltaise, la Murciana, la Toggenburg et plus récemment l'Alpine et la Saanen.

Selon **Kerkhouche (1979)**, la maltaise et la chèvre de Murcie ont été implantées à Oran et sur le littoral pendant la colonisation, d'autres essais d'introduction d'animaux performants ont été réalisés dans le territoire national après l'indépendance dans le Mitidja, à Tizi-Ouzou, à Sétif et dans le haut Chélif.

**Geoffroy, (1919), Huart du Plessis, (1919) et Diffloth, (1926)** rapportent que la chèvre de Malte était très répandue sur la littoral algérien.

Selon **Decaen et Turpault (1969)**, la Maltaise est présente au niveau des zones côtières d'Annaba, Skikda, Alger ainsi que dans les oasis.

En Algérie, l'introduction de la première Alpine date de la période 1924-1925 lors d'un essai d'introduction de races améliorées (**Sadeler, 1949**).

Selon (**Madani, 2000**) la Saanen et l'Alpine ont fait l'objet de tentatives d'élevage en race pure, spécialisée en production laitière dans la région de Kabylie. Toutefois, il n'existe que peu d'informations sur le renouvellement des troupeaux à long terme.

#### **4.1.3. La population croisée**

Elle est constituée par des sujets issus des croisements non contrôlés entre la population locale et d'autres races, mais les essais sont très limités. La population croisée présente une taille remarquable, une carcasse pleine, souvent des gestations gémellaires et une production laitière appréciable, les poils sont généralement courts (**Khelifi, 1999**). **Chellig (1978)** signale la forte présence de ces animaux dans les exploitations publiques.

### **V. situation de l'élevage caprin en Algérie**

#### **5.1. Effectif caprin en Algérie**

Le cheptel algérien est très hétérogène, il se caractérise par une grande diversité des espèces, tel que montre le tableau 7.

Tableau 7: Evolution des effectifs bovins, ovins, caprins, camelins de 2000 à 2016 (million de têtes)

Année	Ovins	Caprins	Bovins	Camélidés
2000	17,62	3,03	1,60	0,23
2001	17,30	3,13	1,61	0,25
2002	17,06	3,28	1,51	0,25
2003	17,50	3,32	1,56	0,25
2004	18,29	3,45	1,61	0,27
2005	18,91	3,59	1,59	0,27
2006	19,89	3,75	1,61	0,29
2007	20,15	3,84	1,63	0,29
2008	19,95	3,75	1,64	0,30
2009	21,40	3,96	1,68	0,30
2010	22,87	4,29	1,75	0,31
2011	23,99	4,41	1,79	0,32
2012	25,19	4,59	1,84	0,34
2013	26,57	4,91	1,91	0,34
2014	27,81	5,13	2,05	0,35
2015	28,11	5,01	2,15	0,36
2016	28,14	4,93	2,08	0,38

Source: F.A.O(2018)

En examinant ce tableau, nous remarquons que le cheptel caprin occupe la deuxième phase derrière le cheptel ovin avec un taux d'évolution de 63 %, le plus élevé par rapport aux autres espèces, entre 2000-2016. La chèvre représente pour l'Algérie, un potentiel animal intéressant à exploiter de façon raisonnée dans le cadre d'un système d'élevage durable.

Selon **Madani, 2000**, les populations existantes en Algérie sont de type traditionnel et la majorité d'entre elles sont soumises uniquement à la sélection naturelle.

Elles sont composées par des animaux d'origine locale à sang généralement Nubien, des populations introduites, et des populations croisées (**Bey et Laloui, 2005**).

D'après **Hellal, (1986) ; Dekkiche, (1987) ; Sebaa, (1992) ; Takoucht, (1998)**, le cheptel local est représenté par la chèvre Arbia, la Mekatia, la Kabyle et la M'zabit.

L'élevage des ruminants (principalement les espèces ovine, caprine, bovine et cameline), est un des secteurs clé de l'agriculture algérienne au sein duquel prédomine le volet «petits ruminants» (F.A.O.2018).

L'élevage caprin algérien est conduit selon les méthodes traditionnelles caractérisées par une faible productivité (Guessas et Semar, 1998). Dans les conditions optimales, la charge pastorale en caprin est généralement de 4 à 5 têtes par hectare (Moustari, 2008).

## **5.2. Répartition géographique des caprins**

La répartition géographique du cheptel caprin à travers le territoire national dépend de la nature de la région, du mode d'élevage, et de l'importance donnée à la chèvre (Hafid, 2006). L'annexe 13 montre que la plus grande partie de l'effectif caprin est localisée dans les zones steppiques et sahariennes (oasis), puis dans les zones montagneuses, par contre l'effectif est faible au niveau du littoral.

## **5.3. Productions caprine en Algérie**

### **5.3.1. Production laitière**

La production laitière caprine obtenue entre 2000 et 2016 est rapportée par le tableau 8 et l'Annexe 14.

Tableau 8:Evolution de la production laitière caprine en Algérie (source : F.A.O. 2018)

<b>Années</b>	<b>Lait de chèvre (tonnes)</b>
<b>2000</b>	153000
<b>2001</b>	155000
<b>2002</b>	170471
<b>2003</b>	170000
<b>2004</b>	190700
<b>2005</b>	184409
<b>2006</b>	228198
<b>2007</b>	200000
<b>2008</b>	230000
<b>2009</b>	193446
<b>2010</b>	214094

<b>2011</b>	220102
<b>2012</b>	225652
<b>2013</b>	227900
<b>2014</b>	235620
<b>2015</b>	231671
<b>2016</b>	228981

La production laitière caprine a augmenté de 50 % entre 2000 et 2016. Cette hausse est expliquée par l'augmentation de l'effectif caprin pendant cette période et la prise de conscience des éleveurs par le potentiel laitier de la chèvre. Le tableau 9 représente quelques performances lactières des chèvres de race locale.

Tableau 9 : Aptitude lactière de race locale dans la région de Laghouat et Tizi-Ouzou (Benaïssa, 2008)

<b>Population</b>	<b>Lactation (J)</b>	<b>Production L/J/chèvre</b>	<b>Production Totale (L)</b>
<b>Makatia</b>	210	1 à 2	190
<b>Arabia (Laghouat)</b>	120	0,5 à 1	110
<b>Arabia (Tizi-Ouzou)</b>	90	0,25 à 0,75	55
<b>Kabyle</b>	90	0,5 à 1	---
<b>M'Zab (Laghouat)</b>	210	1,5 à 3	210
<b>M'Zab (Tizi-Ouzou)</b>	302	1,5 à 2,5	---
<b>Croisée</b>	213	2 à 3	---

Les données du tableau 9 indiquent que les durées de lactation sont très variables (entre 90 et 302 jours), et que la production lactière totale est généralement très faible 55 à 210 L. Ces faibles performances s'expliquent entre autres par le faible potentiel génétique lactier (chèvres non sélectionné pour la production lactière) et par le type de conduite de l'élevage caprin en Algérie (basée généralement sur le pâturage seul).

### **5.3.2. Production de viande**

L'un des produits les plus importants de l'élevage caprin, est la viande, seule ressource actuellement exploitée. En effet, elle est réputée par sa faible teneur en matière grasse,

comparée à celle de l'ovin. Toutefois, la viande de bouc adulte a une forte odeur qui n'est pas toujours appréciée.

La production de viande caprine enregistrée entre 2000 et 2016 est présentée par les données du tableau 10 et de l'annexe 15.

Tableau 10 : Evolution de la production de viande caprine en Algérie (source : F.A.O. 2018)

<b>Années</b>	<b>Viande caprines (tonnes)</b>
<b>2000</b>	12300
<b>2001</b>	12350
<b>2002</b>	12350
<b>2003</b>	12350
<b>2004</b>	12800
<b>2005</b>	13283
<b>2006</b>	13890
<b>2007</b>	14200
<b>2008</b>	14100
<b>2009</b>	15000
<b>2010</b>	16500
<b>2011</b>	17000
<b>2012</b>	17500
<b>2013</b>	18500
<b>2014</b>	19446
<b>2015</b>	19213
<b>2016</b>	18700

La production de viande caprine a fortement évolué (52%) entre 2000 et 2016.

### **5.3.3. Production de cuir**

Les peaux des caprins servent à toutes sortes d'usages pratiques ; traditionnellement les femmes appartenant à certaines ethnies s'occupaient de sa transformation et de son commerce. Les Guerbas, outres légères et isolantes, faciles à transporter sont fabriquées en Algérie avec la peau de chèvres.

Le tonnage de peaux caprines obtenu entre 2000 et 2013 est signalé dans le tableau 11 et l'annexe 16.

Tableau 11 : Evolution de la production de peau caprine en Algérie (source : F.A.O. 2018)

<b>Années</b>	<b>Peaux caprines (tonnes)</b>
<b>2000</b>	2460
<b>2001</b>	2470
<b>2002</b>	2470
<b>2003</b>	2470
<b>2004</b>	2560
<b>2005</b>	2657
<b>2006</b>	2778
<b>2007</b>	2840
<b>2008</b>	2820
<b>2009</b>	3000
<b>2010</b>	3300
<b>2011</b>	3400
<b>2012</b>	3500
<b>2013</b>	3700

Cette production a progressé de 50,4 % entre l'année 2000 et 2013.

#### **5.3.4. Production d'os**

Une fois séchés et dégraissés, les os des caprins constituent un bon complément minéral pour le bétail ou un bon amendement des sols, compte tenu qu'ils contiennent 32% de Ca et 15% de P ainsi que d'autres minéraux en moindre quantité. **(Dekkiche, 1987)**

#### **5.3.5. Production de Fumier**

Le fumier de chèvre est un bon engrais. Il est préférable d'en faire du compost plutôt que de l'utiliser frais. **(Benaissa, 2008)**

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

D'une manière générale, la caractérisation des races animales fait appel à l'une des 3 méthodes suivantes :

- Méthodes phénotypiques (Basées sur l'étude des caractères morfo-biométriques) ;
- Méthodes biochimiques ou immunogénétiques (polymorphisme des protéines du sang) ;
- Méthodes cytogénétiques (nombre, formes et anomalies chromosomiques) ou moléculaires (analyse des marqueurs directement situés sur l'ADN).

### **6.1. La méthode morfo-biométrique**

Elle fait appel aux caractères phénotypiques, tels que les caractéristiques morphologiques (couleur de la robe, couleur des pattes, morphologie de la tête et du corps), les mensurations (taille, poids, hauteur au garrot, largeur) ou les de performances (vitesse de croissance, production laitière, production des poils, taux de matière grasse, protéines). Selon **Gaouar (2009)**, cette méthode couramment utilisée pour caractériser et comparer les races d'animaux d'élevage (caprins, ovins, bovin, camelin et équin). Cependant, elle ne fournit que de vagues indications sur le patrimoine génétique de la race, du fait du mode de transmission héréditaire généralement complexe et souvent mal élucidé des caractères pris en compte. Cette limite justifie le désintérêt de l'utilisation de cette méthode au profit de la méthode immunogénétique (**Rognon et Verrier, 2007**).

De plus, la ressemblance entre les caractères morphologiques peut être considérée comme le reflet d'une identité génétique, mais celle-ci 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 (**Gaouar, 2002**).

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. Ces considérations limitent l'utilisation des caractères morphologiques en tant qu'éléments de reconstruction de la phylogénie des races et leur caractérisation (**Gaouar, 2002**)

Il n'existe d'ailleurs dans ce domaine qu'un nombre limité d'études relatives à la caractérisation du cheptel caprin local. Aussi, nous remarquons que l'identification morphologique de notre cheptel caprin est rendue difficile par le fait que certaines races se ressemblent tellement que seul un œil très expert pourrait distinguer les unes des autres. C'est le cas par exemple de la race M'zabite et la Mekatia et la Naine de Kabylie et l'Arbia. Le tableau 12 résume quelque caractéristique morphométrique des nos race caprines locale

Tableau 12 : Le tableau résume quelque caractéristique morphométrique des nos race caprines locale (Kerba, 1995)

Races	hauteur Cm		Poids vif		Poils	couleurs des poils	Corne	Oreilles
	Bouc	Chèvre	Bouc	Chèvre				
Arabia	70	67	60	32	long	Noire, gris marron	présence	long, large, tambante
Makatia	72	63	60	40	court	gris, marron	présence	long, tambante
Nain de Kabylie	68	55	60	47	long	Noire, blanc, marron	présence	long
Mozabite	68	65	50	35	court	chamoisé, Noire, marron	présence	long, tambante

## **6.2. Les méthodes biochimiques et moléculaires**

Les caractères immunologiques et biochimiques ont un mode de transmission héréditaire assez simple et conforme aux lois de la génétique mendélienne. Parmi les marqueurs immunogénétiques, figure le polymorphisme des groupes sanguins et des protéines du sang. Ces systèmes sont génétiquement indépendants les uns des autres et leur analyse permet de mieux caractériser le patrimoine héréditaire des races par rapport aux études basées sur les caractères morphologiques (Gaouar, 2002, 2009).

### **6.2.1. Groupes sanguins**

Il est rapporté par Delacretaz-Wolff, (1997) pour les ovins et les bovins, respectivement 8 et 13 systèmes sanguins répartis sur plusieurs loci polymorphes.

Selon Ouragh *et al.*, (1994), chez le cheval, les marqueurs génétiques sanguins ont été essentiellement utilisés pour l'identification et les contrôles de filiation, ils ont été employés pour établir le contrôle de filiation des chevaux de la race Barbe et Arabe-Barbe au Maroc.

### **6.2.2. Protéines**

L'analyse du polymorphisme protéique correspond à l'analyse des parties codantes des gènes spécifiant les protéines analysées, soit moins de 5 % du génome (**Moazami-Goudarzy, 1997**).

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) constituent alors un outil standard pour l'investigation de la variation biochimique et fournissent le premier moyen non biaisé d'estimer la variabilité du génome (**Baumung et al., 2004**).

En raison des enjeux économiques dans l'industrie laitière et fromagère, les protéines du lait ont fait l'objet de nombreuses études chez les bovins et les caprins vu leurs intérêts.

La fréquence des variantes génétiques des lactoprotéines est très différente d'une population à l'autre, ce qui permet de caractériser ces populations et d'en établir éventuellement les relations phylogénétiques. Par ailleurs, comme il s'agit de protéines d'intérêt économique, les relations éventuelles entre ce polymorphisme et la production de lait ont été recherchées. Ainsi, l'effet significatif des allèles A et B de la caséine K sur les aptitudes fromagères des laits a été démontré. En effet, c'est le variant B de la caséine K qui confère au lait de meilleures aptitudes fromagères (**Gros-Glaude, 1988**).

### **6.3. Marqueurs moléculaires**

Suite au développement de nouvelles technologies de la biologie moléculaire, les polymorphismes de l'ADN sont devenus les marqueurs de choix pour étudier les structures génétiques et l'histoire évolutive des organismes.

Selon **Rognon et Verrier (2007)**, l'application des méthodes développées a ouvert de nombreux champs d'investigation. Un certain nombre de marqueurs sont à l'heure actuelle disponible pour détecter les polymorphismes d'ADN dans les études sur la diversité génétique. Néanmoins, les marqueurs les plus fréquemment utilisés restent les microsatellites.

#### **6.3.1. ADN mitochondrial**

L'ADN mitochondrial (ADNmt) a souvent été choisi pour l'étude génétique de la variabilité et de la différenciation intra et inter populations, sous-espèces et espèces (**Taberlet**

**et Bouvet, 1992**). L'ADNmt des vertébrés se présente sous la forme d'une molécule circulaire, sans introns, ni séquences répétées. Sa taille varie, entre 16 300 et 19 200 paires de bases, nombre très réduit par rapport aux quelques milliards de paires de bases du génome nucléaire.

Les parties non codantes sont limitées à de courtes séquences et une partie plus longue correspond à l'origine de réplication (D-loop). Plusieurs études ont suggéré que le polymorphisme de cette partie très variable de l'ADN mitochondrial, serait judicieusement exploitable à des fins de caractérisation intra et inter-races (**Hill *et al.*, 2002; Yang *et al.*, 2002**).

La propriété la plus anciennement connue de l'ADN mt est sa transmission maternelle, avec l'organite cellulaire qui le renferme, d'une génération à la suivante. (**Kavar *et al.*, 2002**).

Sa seconde propriété, qui est probablement la plus importante dans le domaine de la biologie des populations et de la phylogénie, est sa vitesse d'évolution considérée comme 5 à 10 fois plus grande que celle de l'ADN nucléaire (**Brown *et al.*, 1979; 1982**).

Enfin sa troisième caractéristique est que les mutations sont sélectivement neutres.

### **6.3.2.. Marqueurs RFLP**

Les polymorphismes de longueur des fragments de restriction (RFLP) sont identifiés en utilisant des enzymes de restriction et des sondes génétiques (**Botstein *et al.*, 1980**).

Les enzymes de restriction reconnaissent spécifiquement un site de l'ADN et coupent la molécule dans ce site ou à son voisinage, générant ainsi des fragments de restriction dont la longueur et le nombre dépendent de la répartition des sites de restriction.

Ces enzymes ont été largement utilisées pour la recherche de polymorphisme de l'ADN. En effet, une mutation dans une séquence d'ADN reconnue par une enzyme de restriction entraîne l'élimination de ce site et donc l'absence de coupure.

La mutation peut être également à l'origine de la création d'un nouveau site de restriction, par conséquent d'un site de coupure. Ainsi ces enzymes permettent de mettre en évidence une modification de la carte de restriction d'un locus due à l'apparition ou la disparition par mutation d'un site de restriction (**Gaouar, 2002**).

La méthode utilisée sous sa forme initiale ou méthode de Southern, est laborieuse et ne permet pas de traiter facilement un grand nombre d'individus. Par contre, la méthode couplage de cette PCR-digestion par des enzymes de restriction a permis d'étudier le polymorphisme de restriction de nombreux gènes pour la caractérisation de races domestiques (**Klungland *et al.*, 1995 ; Lagziel *et al.*, 2000**).

### **6.3.3. Marqueurs RAPD**

Le marqueur moléculaire RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) 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**).

**Black (1993)**, rapporte que la méthode RAPD, couramment utilisée en cartographie génétique des végétaux et en génétique des populations, génère des marqueurs dominants. Plusieurs études ont utilisé les marqueurs RAPD pour différencier génétiquement les animaux domestiques. Néanmoins, des problèmes de reproductibilité et de transmission de ce type de marqueur ont limité son application chez les animaux.

### **6.3.4. Marqueurs AFLP**

Un autre type de marqueurs moléculaires nommés AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) a été proposé par une méthode mise au point en **1995 par Vos *et al.***. C'est une technique apparentée à la technique utilisée pour les RAPD. Elle est basée sur une amplification sélective de fragments de restriction obtenus par digestion de l'ADN génomique.

Leur principe général repose sur trois phases successives : une digestion (suivie ligation), une amplification pré sélective et une amplification sélective. Le produit final de ces amplifications est visualisé sur gel de polyacrylamide grâce aux extensions fluorescentes des amorces.

D'après **Ajmone-Marsan *et al.*, (1997)** , l'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.

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

### **6.3.5. Marqueurs minisatellites**

En 1985, **Jeffreys *et al.***, ont montré que chez l'homme une sonde minisatellite peut révéler simultanément plusieurs loci indépendants en une seule hybridation. Ces sondes permettent donc d'étudier dans le génome une zone plus importante que celle reconnue par les sondes qui ne détectent qu'un seul locus.

Le terme "d'empreinte génétique" a été utilisé pour décrire l'important polymorphisme de fragments de restriction associé aux séquences minisatellites hypervariables, constituées d'une répétition de séquences (2 à 60 nucléotides), en nombre variable (2 à 20 fois) (**Jeffreys *et al.*, 1985; Nakamura *et al.*, 1987**). Ces empreintes génétiques sont spécifiques d'un individu, la ségrégation des fragments d'ADN qui les compose est mendélienne.

Le niveau de variation génétique observé varie considérablement d'une enzyme à une autre (**Hanotte *et al.*, 1992**), d'une sonde à l'autre, et en fonction de l'espèce étudiée (**Georges *et al.*, 1988**).

### **6.3.6. Marqueurs microsatellites**

L'une des principales méthodes utilisée aujourd'hui est celle mettant en évidence le polymorphisme des loci microsatellites ou STR (Short Tandem Repeats) qui sont présents chez tous les eucaryotes étudiés à ce jour. Ils sont très nombreux (de 30 000 à 100 000 copies suivant les espèces) et de nature variable.

Les microsatellites sont de courts motifs d'ADN composés d'un nucléotide (**Kaplan et Delpech, 1998**), ou de deux, trois ou quatre nucléotides (**Stallings *et al.*, 1991**), et jusqu'à six nucléotides (**Moxon et Wills, 1999**), répétés en tandem et dispersés de façon homogène dans le génome (**Chambers et MacAvoy, 2000**).

D'après **Rognon et Verrier (2007)**, grâce à leurs caractéristiques, aussi bien biologiques que techniques, ces loci sont des marqueurs de choix pour l'analyse de la diversité entre races.

Chaque microsatellite représente un locus unique dans le génome délimité par les séquences uniques qui encadrent la répétition. Les microsatellites de type (TG) sont les plus abondants, leur fréquence varie en fonction de l'espèce considérée (**Beckman et Weber, 1992**).

Chez les animaux domestiques, on en compte un tous les: 47 Kb chez le porc (**Wintero et al., 1992**), 65 Kb chez le mouton (**Buchanan et al., 1993**), 75 Kb chez la chèvre (**Schibler et al., 1998**), et 120-180 Kb chez les bovins (**Steffen et al., 1993 ; Vaiman et al., 1994**).

Le polymorphisme de répétition des microsatellites a pu être mis en évidence grâce à la technique PCR (polymerase chain reaction) (**Mullis et Falloona, 1985 ; Weber et May, 1989 ; Litt et Luty, 1989**). La PCR est réalisée en utilisant des amorces oligo-nucléotidiques dans les séquences uniques flanquantes le microsatellite et le produit d'amplification est analysé par électrophorèse sur gel de polyacrylamide dénaturant. Le taux d'hétérozygotie (proportion d'individus qui sont hétérozygotes pour un microsatellite donné) a été estimé à 50% dans les lignées consanguines de souris et à 90% dans les lignées interspécifiques de souris (**Dietrich et al., 1992**), à 50% chez les bovins (**Bishop et al., 1994**), et entre 55 et 80% chez le porc (**Rohrer et al., 1994**).

Le polymorphisme de ces séquences est un polymorphisme de répétition qui est dû à la variation du nombre de répétitions du motif de base. Les microsatellites qui présentent une répartition homogène sur le génome, sont co-dominants, multi alléliques et à priori neutres vis-à-vis du processus de sélection. Du fait de leurs répartitions homogènes sur le génome, de la possibilité d'analyse de plusieurs microsatellites au sein d'une même réaction de PCR (multiplex) et de l'automatisation des typages, les microsatellites sont devenus des marqueurs de choix pour différentes investigations ciblant l'ADN.

En plus de ces caractéristiques, ces marqueurs sont très polymorphes du fait d'un taux de mutation très élevé car en moyenne, on peut considérer que ce taux est d'environ 10-4 mutations par locus, par gamète et par génération (**Boichard et al., 1998**).

Ces mutations peuvent être générées par deux mécanismes :

- Les recombinaisons inégales constituent le premier mécanisme. En effet, les erreurs d'appariement sont fréquentes dans les régions de répétitions en tandem, compte tenu de la forte homologie de séquences entre les répétitions. Tout crossing-over intervenant lors de ces mésappariements produit une augmentation du nombre de

répétitions sur l'une des chromatides et une diminution d'un nombre équivalent de répétitions sur l'autre (**Cooper et al., 1995**).

- Le deuxième mécanisme susceptible de générer des mutations est le glissement intra-chromatinien (slippage). Lors de l'analyse de la transmission d'allèles de microsatellites dans des études de familles, il y a apparition de nouveaux allèles. Ces derniers ne différant des allèles d'origine que par une seule unité répétée.

L'augmentation de taille observée semble résulter d'un glissement de la polymérase consécutif à un mésappariement. Ce phénomène serait ainsi la reproduction *in vivo* du phénomène observé *in vitro* lors de la PCR, au cours duquel la Taq polymérase s'avère incapable de reproduire fidèlement le nombre de répétitions d'origine et génère par glissement des bandes multiples, au lieu de la bande unique attendue (**Levinson et Gutman, 1987**).

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

En effet, les potentialités des microsatellites, en tant que marqueurs pour mesurer la variabilité génétique des populations semblent considérables (**Bruford et Wayne, 1993**).

Le nombre élevé et croissant d'études de variabilité génétique basées sur les microsatellites et concernant différentes espèces montrent que, parmi les marqueurs 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 polymorphisme élevé et leur dispersion dans le génome. Ces marqueurs sont largement utilisés dans les études de caractérisation d'animaux domestiques.

Actuellement, chez la plupart des espèces d'animaux domestiques, une liste de références de locus microsatellites a été publiée par la FAO (**FAO, 2004 et 2011**), afin de permettre la comparaison entre des analyses obtenues pour différentes espèces animales et par plusieurs équipes de recherche dans le monde.

### **6.3.7. Marqueurs SNP**

Les SNP ou Polymorphismes de nucléotides uniques 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 génomes ou de séquences exprimées EST « Expressed Sequence Tag » (Lee *et al.*, 2006).

Selon Joly (2005), 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.

En 2002, Vignal *et al.*, signalent que les SNP peuvent être étudiés par plusieurs techniques reposant sur différents principes.

D'après Maudet (2001), 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. Cependant, Vignal *et al.*, (2002) précisent que le génotypage à haut débit nécessite également des outils spécifiques permettant l'analyse simultanée de milliers ou dizaines de milliers de SNP.

## **VII. Programmes de conservation des ressources génétiques animales**

Les renseignements obtenus par l'approche de caractérisation favorisent une prise de décision éclairée sur les priorités de la gestion des ressources génétiques animales par les différents groupes d'intérêt, dont les agriculteurs, les gouvernements au niveau national et régional et les organismes internationaux (FAO, 1992; FAO/PNUE, 2000). Ces décisions politiques visent à promouvoir la mise en valeur des ressources zoo-génétiques tout en garantissant la conservation de ces ressources pour les besoins des générations présentes et futures.

Une considération clé pour la gestion des ressources zoo-génétiques au niveau national est la capacité de comprendre si, à un moment donné, une population d'une race particulière est durable de façon autonome ou en danger.

Cette première évaluation (enquête de base) de l'état de la race ou de la population se base sur des renseignements concernant :

- la taille et la structure de la population;
- la distribution géographique;
- la diversité interraciale;
- la relation génétique entre races lorsque les populations se trouvent dans plus d'un pays.

Si une population n'est pas en danger (Figure 1), aucune action immédiate de mise en œuvre des mesures de conservation n'est nécessaire. Cependant, il faudra prendre des décisions, dans le cadre des plans de développement nationaux, pour les animaux d'élevage qui présentent un potentiel risque d'extinction. Dans ce cas, il faudrait réaliser un programme d'amélioration génétique en réponse, par exemple, aux conditions changeantes de l'environnement. Les informations sur les avantages à long terme pour les éleveurs et la société sont à la base des décisions concernant de tels programmes d'amélioration. **(FAO, 2008)**

Si une race est en danger, des stratégies actives de conservation doivent se mettre en place sinon il faudra accepter la perte potentielle de la race. Pour allouer les ressources limitées disponibles pour les programmes de conservation, il faut d'abord définir les races prioritaires. Ces décisions peuvent se baser sur le caractère génétique distinctif, les caractères d'adaptation, la valeur relative pour l'alimentation et l'agriculture ou les valeurs historiques et culturelles des races concernées. Ces informations sont également nécessaires pour décider l'approche la plus prometteuse entre les stratégies de conservation *in vivo* ou *in vitro* ou une combinaison des deux. Si les races à conserver se trouvent dans plus d'un pays, les décisions devraient se prendre au niveau international. Par conséquent, les institutions/organisations de coordination régionale, ainsi que les politiques nationales de soutien sont nécessaires pour faciliter la prise de décision et passer à l'action. À ce jour, il n'a été fait cas que très peu d'exemples d'actions concertées par plusieurs pays en matière de gestion des ressources zoo génétiques. **(FAO, 2008)**

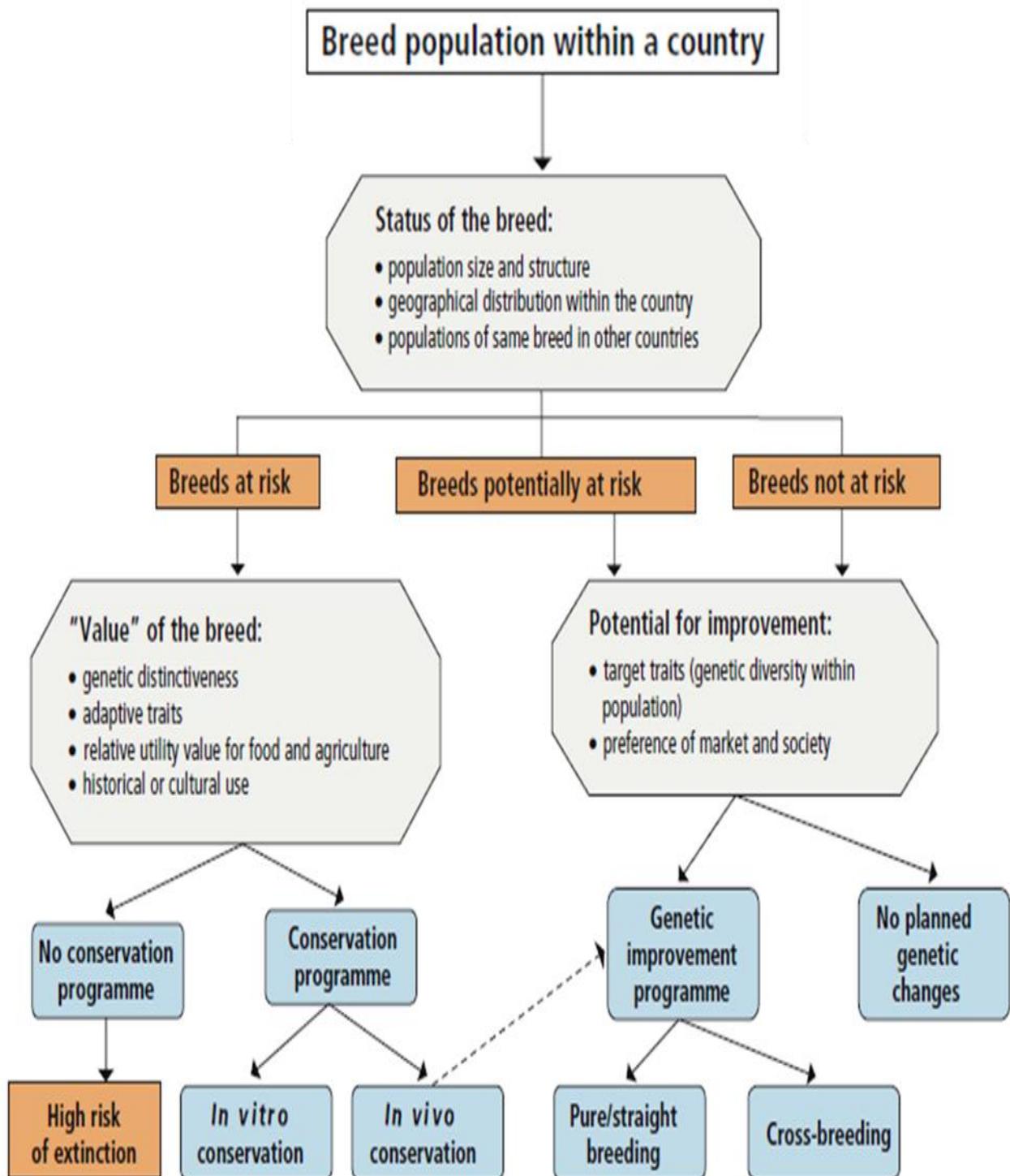


Figure 1. Informations nécessaires pour l'établissement des stratégies de gestion.

(FAO, 2008)

**PARTIE**  
**EXPERIMENTALE**

## **Partie expérimentale**

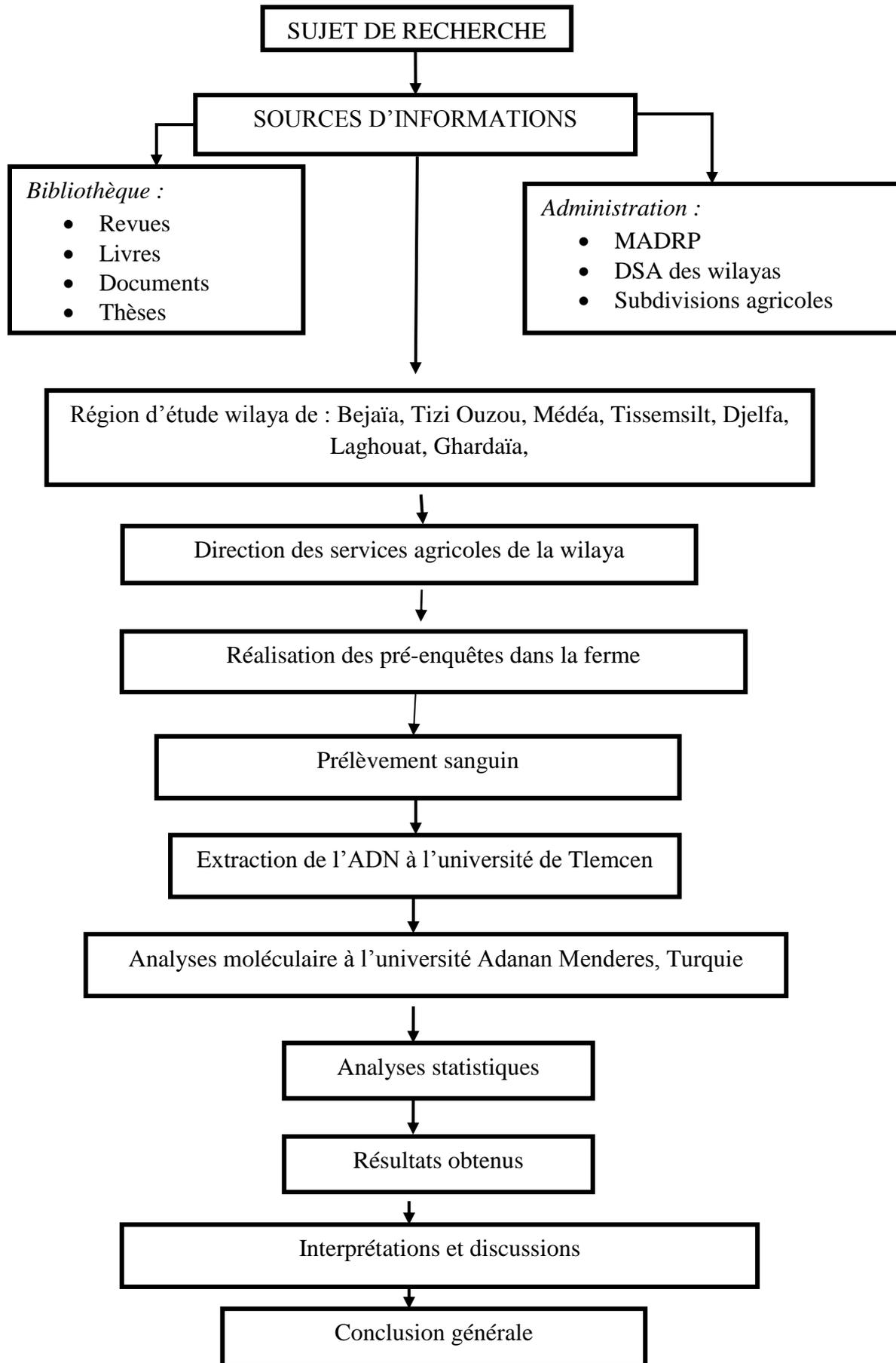
### **VIII. Présentation du travail**

Nous avons réalisé lors de cette étude la première caractérisation génétique de quatre races caprine algériennes : la race Arbia, la Mekatia, la Naine de Kabylie et la M'zabite. Cette étude de la variabilité génétique de ces races est basée sur l'étude du polymorphisme de l'ADN par l'analyse de 18 microsatellites par génotypage assisté par un séquenceur automatique.

Les résultats obtenus nous en permis d'estimer la variabilité de chaque race à partir des fréquences alléliques et génotypiques. Les applications, à moyen terme, seraient :

- De prévenir l'extinction des races et d'en planifier leurs conservations,
- De mettre au point un programme de sélection qui valorise notre potentiel génétique locale.

La démarche méthodologique adaptée pour notre étude est présentées par la figure 2



**Figure 2 : Démarche méthodologique**

## **IX. Matériel et méthodes**

### **9.1. Matériel utilisés**

#### **9. 1.1. Structure de l'échantillonnage animale**

La première étape de l'analyse de la diversité génétique des animaux d'élevage avec des marqueurs moléculaires est la constitution d'un échantillonnage de la population étudiée. La taille de l'échantillon est déterminante de la fiabilité et la précision des résultats. Les résultats peuvent par ailleurs être biaisés si l'échantillon se compose d'individus de la même famille, génétiquement proches, entraînant ainsi un risque de surreprésentation des allèles de ce groupe d'individus.

Pour chacune des quatre races, nous avons essayé de constituer un lot d'une trentaine à une cinquantaine d'animaux non apparentés (tableau 13). Le choix du nombre d'animaux à étudier par race est fait à partir des indications rapportées dans la littérature (**Nei et Roychoudhury, 1974 ; Nei, 1978**).

En effet, on admet que pour l'étude de la diversité des races, il faut typer au moins 20 individus avec un minimum de 20 loci indépendants (**Takezaki et Nei, 1996**). En général, il est plus important d'examiner un grand nombre de loci plutôt qu'un grand nombre d'individus par locus.

Au niveau de chaque site sélectionné, nous avons prélevé des échantillons sanguin avec un volume variant de 7 ml à 25 ml par animal sur anticoagulant (EDTA) et conservé à  $-20^{\circ}\text{C}$ . (Cette partie du travail a été réalisée avec l'aide de Dr. Fantazi Khaled, INRAA.)

Les prélèvements ont été réalisés en premier lieu sur des mâles reproducteurs (géniteurs) puis après sur des femelles non apparentées cette partie de travail a été réalisé durant l'année de 2015 (Janvier à juin).

Tableau 13: Nombre retenu de caprins de chaque race

Races	Nombre		Total
	Bouc	Chèvre	
<b>Arbia</b>	63	16	79
<b>Mekatia</b>	32	19	51
<b>Nain de Kabylie</b>	44	15	59
<b>M'zabite</b>	13	22	35

Les animaux constituant les différents groupes ont été puisés des sites représentés par la figure 3.

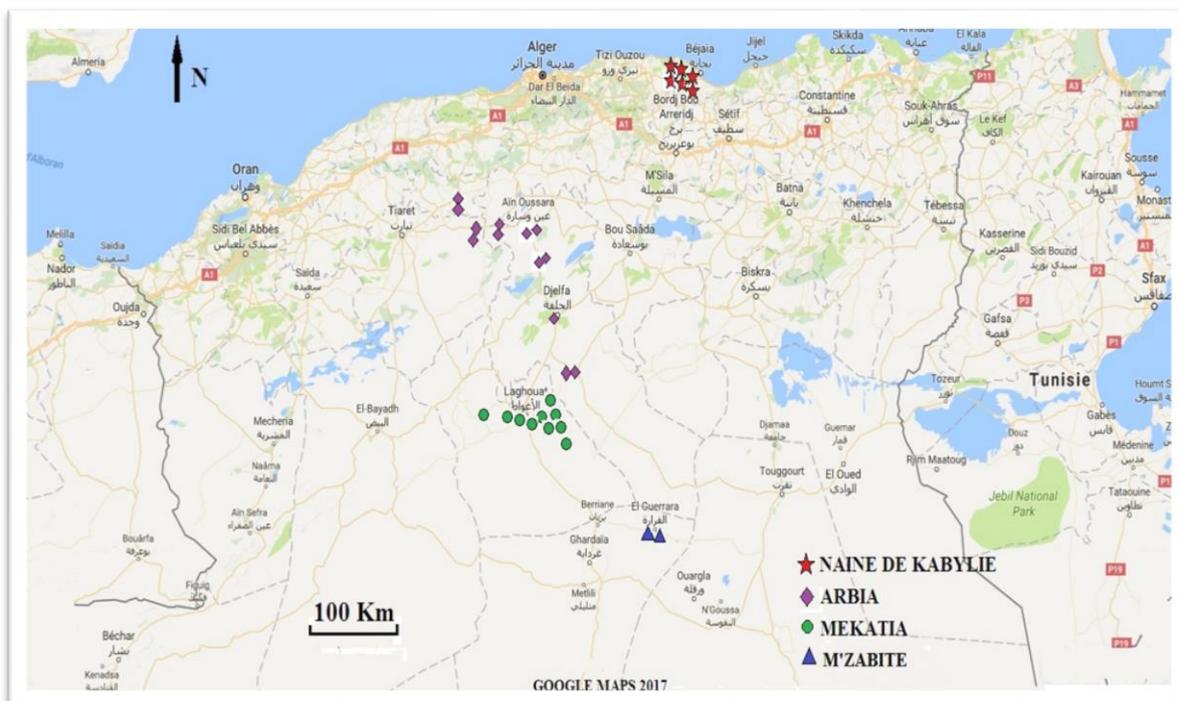


Figure 3: Répartition représentative des sites échantillonnés à l'échelle nationale (Source : Google maps 2018)

### 9.1.2. Matériel du prélèvement sanguin :

Le matériel de prélèvement de sang est classique, il se compose de tubes vacutainer (5 ml) avec anticoagulant (EDTA), un porte aiguille, des aiguilles, et une glacière avec des piles de congélations

Le prélèvement se fait par ponction veineuse au niveau de la veine jugulaire.

## **9.2. Méthodes**

### **9.2.1. Extraction de l'ADN génomique**

L'extraction d'ADN génomique à partir du sang total a été réalisée par la technique de NaCl « Salting out » (Miller *et al.*, 1988) car basée sur des manipulations rapides et faciles. De plus, elle n'expose pas le manipulateur à des risques d'intoxication par des produits dangereux tels que le phénol.

#### **9.2.1.1. Extraction d'ADN et dosage**

La méthode de NaCl « Salting out » nécessite au préalable l'élimination des globules rouges par une solution de lyse hypotonique, suivie d'un choc thermique dans la glace. Dans un second temps, l'ADN des lymphocytes est libéré puis traité par la protéase K qui le débarrasse de toutes les protéines auxquelles il est lié. Il est alors précipité par l'ajout de l'éthanol froid, sous forme de filaments qui se compactent rapidement en une masse blanchâtre appelée : méduse.

En dernier lieu, l'ADN pur sera dissout dans le tampon TE 10/1 : Tris/HCl: 10mM; EDTA:1mM; pH=8.0 (Annexe 17).

Les ADN extraits sont dans un premier temps rangés dans des boîtes et conservés au congélateur à -20°C pour être ensuite analysés par des outils de la biologie moléculaire. Ces ADN constituent la première biothèque d'ADN caprine en Algérie au niveau du laboratoire de recherche « Physiologie, Physiopathologie et Biochimie de la Nutrition » de l'Université Abou Bekr Belkaid de Tlemcen.

#### **9.2.1.2. Dosage de l'ADN**

La concentration d'ADN est estimée par la méthode de spectrophotométrie, basée sur la capacité de l'ADN à absorber des rayonnements UV à l'aide d'une spectrophotométrie en goutte avec un NanoDrop 2000 spectrophotomètre (Thermo Scientific NanoDrop 2000) (figure 7), et calculée par le logiciel Megellan intégré dans l'appareil de Nanodrop, permettant ainsi des mesures rapides, précises et reproductibles de la concentration et le degré de pureté de l'ADN.



Figure 4: NanoDrop 2000 Thermo Scientific.

Le NanoDrop 2000 Thermo Scientific est un appareil de dernière génération permettant de doser une solution à partir de seulement 2  $\mu\text{L}$  de façon précise grâce à une source photonique générée par une lampe flash de Xénon. La lumière est alors filtrée par un filtre monochromateur, le faisceau lumineux traverse l'échantillon, puis est détecté grâce à un détecteur CCD (figure 5). Les données sont traitées automatiquement grâce à un logiciel (Megellan) qui permet d'obtenir directement la concentration en ADN bicaténaire en  $\text{ng}/\mu\text{L}$ , ainsi que le rapport A260/A280.

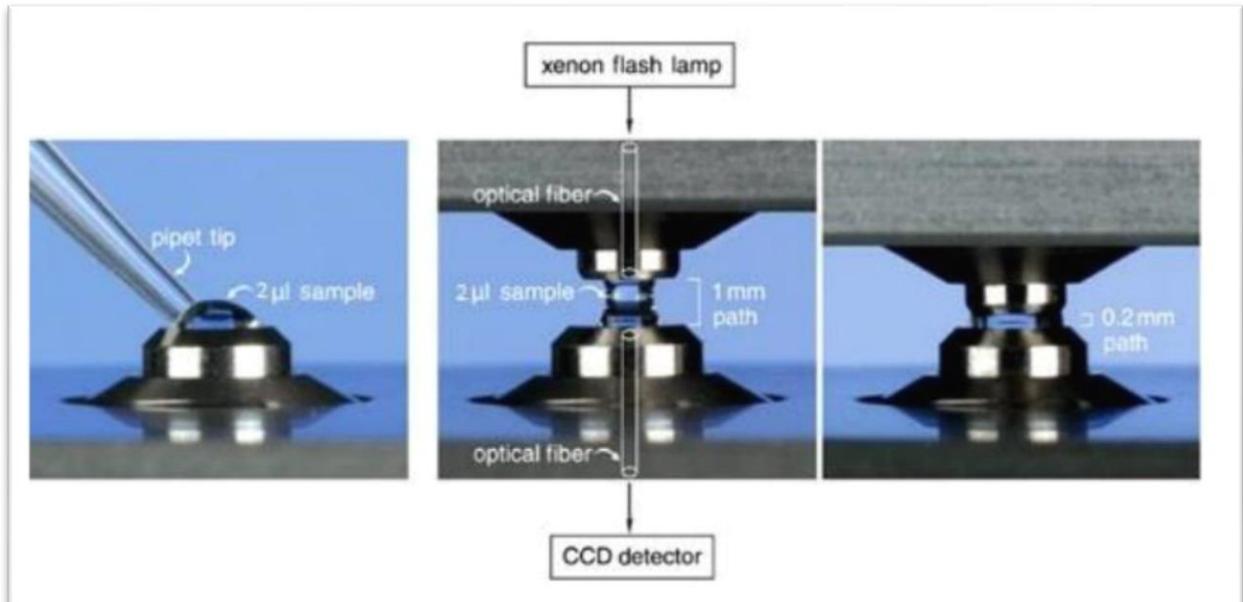


Figure 5: Principe de fonctionnement du NanoDrop 2000 Thermo Scientific (source : NanoDrop 2000/2000c Spectrophotometers - User Manual, 2009)

L'obtention d'un ADN pur signifie que le rapport des densités optiques ( $R = DO$  à 260 nm /  $DO$  à 280 nm) doit être compris entre 1,5 et 2. Un rapport inférieur à 1,5 témoigne d'une contamination par les protéines. En revanche, s'il est supérieur à 2 on envisagera une contamination par les sels.

Pour réaliser les différentes amplifications par PCR, les échantillons d'ADN qui montrent une grande concentration nécessitent un ajustement par une dilution. En effet, tous les échantillons d'ADN utilisés pour cette étude ont été mis à une concentration finale se situant dans un intervalle allant de 50 à 150 ng/µl.

Un volume de 2 µL de la solution d'ADN est dosé, contre un témoin approprié  $T_{10}E_1$  (matrice de la solution d'ADN).

### **9.2.2. Choix des marqueurs microsatellites utilisés**

Dans le cadre d'un programme d'évaluation de la variabilité génétique des espèces d'animaux domestiques, une liste de références de locus microsatellites a été publiée par la **FAO-ISAG (2011)** afin de permettre la comparaison des données entre des analyses obtenues pour différentes espèces animales et par plusieurs équipes de recherche dans le monde. Les marqueurs microsatellites ont été choisis pour les raisons suivantes :

- Les trois groupes multiplex ont été créés en fonction de la longueur des fragments de microsatellites ;
- Ils sont très abondants (50 à 100 000 suivant les espèces) et présentent une répartition homogène dans le génome (**Rognon et Verrier, 2007**) ;
- Ils sont codominants et très polymorphes (ou informatifs) ; un marqueur est considéré comme informatif s'il permet de distinguer 2 groupes de descendants selon l'allèle reçu d'un des 2 parents (**Boichard et al., 1998**) ;
- À priori, ces marqueurs sont neutres vis-à-vis du processus de sélection. Ils sont le plus souvent situés dans des zones non fonctionnelles du génome (non liés à des gènes fonctionnels qui pourraient être soumis à la sélection) ;
- Mis à part leurs propriétés génétiques, les microsatellites présentent des intérêts techniques considérables. En effet le génotypage de ces marqueurs est relativement simple et rapide, et surtout peu coûteux. De ce fait, ils permettent donc indirectement de multiplier le nombre d'individus à analyser ainsi que le nombre des marqueurs étudiés simultanément quand les amorces utilisées sont marquées par des fluorophores de couleurs différentes (PCR multiplex).

Dans ce contexte un jeu de 18 marqueurs microsatellites a été choisi pour le génotypage des races caprines algériennes. L'ensemble de ces marqueurs font partie de la liste recommandée par le Groupe Consultatif **ISAG-FAO (2011)**. L'ensemble des microsatellites a été réparti en trois multiplex selon l'intervalle de la taille de chacun d'eux et selon leurs affinité techniques l'un par rapport à l'autre (Tableau14). Les amorces utilisées sont synthétisées par **SIGMA**. Les amorces utilisées ont été marquées par trois fluorophores différents : Dye 2 (émet dans le noir), Dye 3 (émet dans le vert), Dye 4 (émet dans le bleu) tel que indiqué par le tableau13.

Tableau 14: Détails sur les microsatellites utilisés dans l'étude. (FAO, 2011)

Multiplex	Microsatellites	Marquage	Séquences des amorces	Chromosome	Interval allélique (bp)
M1	INRA0023	Dye 3	GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC	BTA3	195-225
			TAACTACAGGGTGTTAGATGAACTC		
	INRA0005	Dye 3	CAATCTGCATGAAGTATAAATAT	-	135-149
			CTTCAGGCATACCCTACACC		
	OarFCB20	Dye 2	AATGTGTTTAAGATTCCATACAGTG	OAR2	93-112
			GGAAAACCCCATATATACCTATAC		
	ILST0019	Dye 2	AGGGACCTCATGTAGAAGC	-	144-158
ACTTTTGGACCCTGTAGTGC					
BM1818	Dye 4	AGCTGGGAATATAACCAAAGG	-	248-278	
		AGTGCTTTCAAGGTCCATGC			
INRA0132	Dye 4	AACATTTTCAGCTGATGGTGGC	-	152 – 172	
		TTCTGTTTTGAGTGGTAAGCTG			
M2	CSR0247	Dye 3	GGACTTGCCAGAACTCTGCAAT	OAR14	220-247
			CACTGTGGTTTGTATTAGTCAGG		
	McM0527	Dye 3	GTCCATTGCCTCAAATCAATTC	OAR5	165-187
			AAACCACTTGACTACTCCCAA		
	SRCRSP0005	Dye 4	GGACTCTACCAACTGAGCTACAAG	CHI21	158-180
			TGAAATGAAGCTAAAGCAATGC		
	ILSTS0087	Dye 4	AGCAGACATGATGACTCAGC	BTA6	137-155
CTGCCTCTTTTCTTGAGAG					
SRCRSP0023	Dye 5	TGAACGGGTAAAGATGTG	unconun	85-123	
		TGTTTTTAATGGCTGAGTAG			
HSC (OLADRB)	Dye 2	CTGCCAATGCAGAGACACAAGA	-	267 - 301	
		GTCTGTCTCCTGTCTTGTATC			
BM1329	Dye 2	TTGTTTAGGCAAGTCCAAAGTC	-	160-182	
		AACACCGCAGCTTCATCC			
M3	INRA063	Dye 3	GACCACAAAGGGATTTGCACAAGC	CHI18	164-186
			AAACCACAGAAATGCTTGGAAG		
	MAF0065	Dye 4	AAGGCCAGAGTATGCAATTAGGAG	OAR15	123-157
			CCACTCCTCCTGAGAATATAACATG		
	SRCRSP0008	Dye 2	TGCGGTCTGGTTCTGATTTAC	unconun	209-235
			CCTGCATGAGAAAGTCGATGCTTAG		
SRCRSP0024	Dye 2	AGCAAGAAGTGTCCACTGACAG	-	139-175	
		TCTAGGTCCATCTGTGTTATTGC			
BM1258	Dye 3	GTATGTATTTTTCCACCCTGC	-	100 - 128	
		GAGTCAGACATGACTGAGCCTG			

### 9.2.3. Amplification *in vitro* de l'ADN par PCR

#### 9.2.3.1. Principe de la PCR classique

L'amplification *in vitro* par réaction de polymérisation en chaîne (PCR) permet d'obtenir rapidement un très grand nombre de copies du segment d'ADN spécifique à étudier. La PCR se base sur un processus cyclique de 3 phases (figure 6) :

- Dénaturation de l'ADN double brin ;
- Hybridation des amorces ;
- Élongation des amorces.

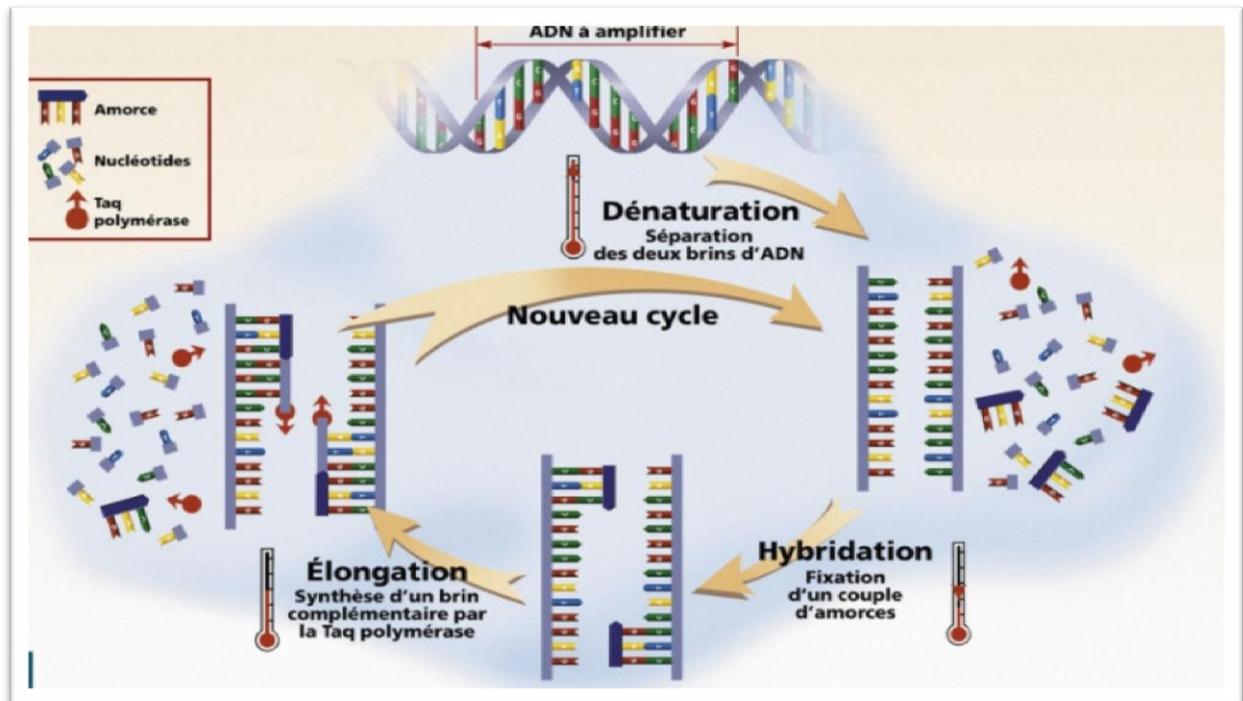


Figure 6: Schéma du principe de base de la PCR

#### 9.2.3.2. PCR en Multiplex

La PCR multiplex consiste à amplifier simultanément plusieurs séquences cibles (au moins deux) dans un même tube d'amplification. Cette façon de procéder pour l'amplification permet de réduire le temps d'analyse ainsi que les coûts et la quantité de matériel génétique utilisé.

Lors de nos manipulations, la PCR en multiplex a été réalisée dans des volumes totaux de 25  $\mu$ L, contenant 0,10  $\mu$ M d'amorces (forward et reverse), 0,20 mM dNTPs, 2,0 mM MgCl<sub>2</sub>, 1X PCR buffer, 1U de Taq DNA polymerase, et ~50 ng de l'ADN. Les protocoles de PCR



## *Partie expérimentale*

Bien que l'électrophorèse sur gel d'agarose soit une technique simple et aisée, elle possède un pouvoir de séparation efficace. Le gel a été fabriqué (figure 8) par dissolution de la poudre d'agarose dans une solution tampon bouillante (TBE 1/10) et un colorant qui facilite la visualisation sur le gel (Safe View TM Classic)



Figure 8 : Fabrication de gel d'agarose

La solution a été ensuite refroidie, puis versée dans un plateau de support qui contient des gabarits afin de créer des encoches de dépôt des échantillons lors du coulage (figure 9), où elle se solidifie. Le support a été alors submergé dans un appareil d'électrophorèse à électrodes contenant de la solution tampon.



Figure 9 : Coulage de solution d'agarose dans le plateau

Afin de les préparer à l'électrophorèse, les échantillons ont été mélangés avec des composants (Laoding Dye Solution (XB)) qui leur confèrent une densité supérieure à celle du tampon d'électrophorèse. Les échantillons peuvent alors être déposés à l'aide d'une micropipette dans des encoches. Où ils sont submergés dans la solution tampon et demeurent dans les puits.

Afin de vérifier la présence ou l'absence de l'ADN, nous avons utilisé un marqueur de taille (DNA ladder, GeneRuler 50 bp).

L'appareil d'électrophorèse a été branché à une source de courant continu direct et a été mis sous tension (72 volts pendant 45 minutes) comme indiqué par la figure 10. Les échantillons (ADN) ont pénétré le gel à travers des capillaires et ont migré de la cathode vers l'anode.

Après 45 minutes d'électrophorèse, le gel a été mis dans une table UV, dans le but de visualiser la migration des ADN.

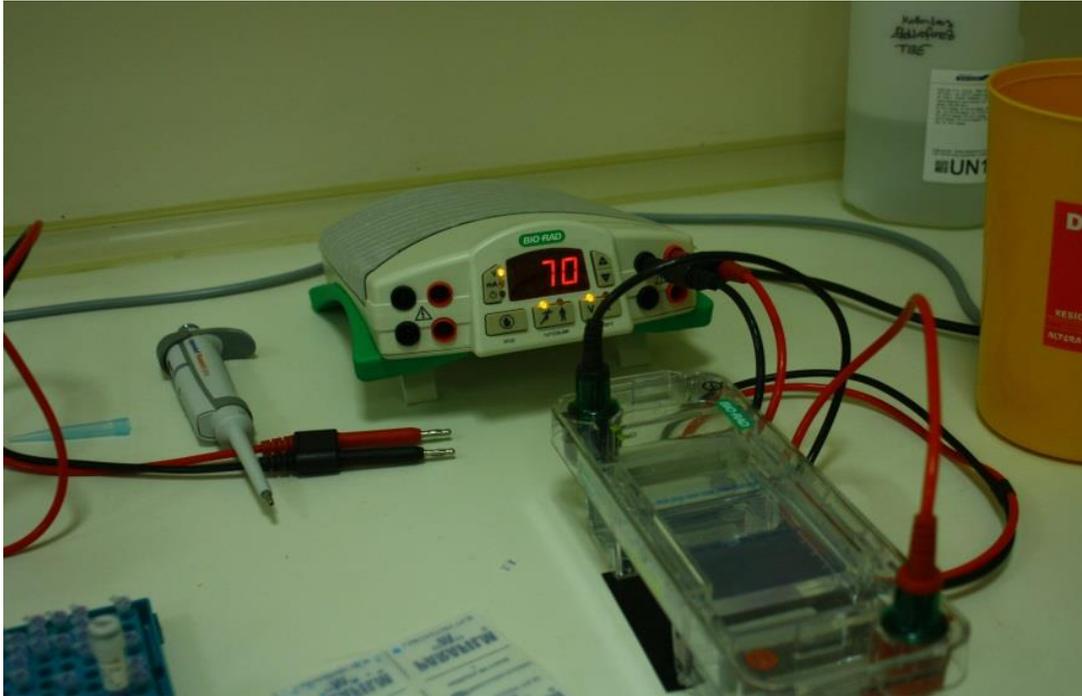


Figure 10 : Lancement de l'électrophorèse

### 9.2.5. Génotypage des microsatellites

Lors de la migration des produits PCR dans les capillaires du séquenceur, les fluorophores sont excités par un laser argon et l'émission de la fluorescence est interprétée par le programme **Genomelab™ GeXP Genetic Analysis System (BACKMAN COULTER®)**. Ce dernier permet de déterminer le génotype de chaque échantillon pour chacun des 18 microsatellites étudiés. Le standard de taille **Kit 400** a permis la détermination de la taille des fragments.

Pour chaque échantillon, nous avons utilisé un volume de 34,5  $\mu\text{l}$  de SLS (**Sample Loading Solution GenomeLab™**) et de 0,5  $\mu\text{l}$  de marqueur de taille (**size standard, 55 $\mu\text{l}$ , GenomeLab™**), l'ensemble a été mélangé à 0,5  $\mu\text{l}$  d'ADN (produit après la PCR) pour constituer un volume final de 35,5  $\mu\text{l}$ . (Figure 11)

Une goutte d'huile (**mineral oil GenomeLab™**) a été rajoutée à la préparation éviter la vaporisation de la solution lors du fonctionnement des capillaires en raison des températures élevées.

La solution de nettoyage (**separation buffer GenomeLab™**) a été préparée au niveau de la deuxième plaque (plaque de nettoyage des capillaires), 70 à 75 % de volume total de chaque puits est occupé par ce tampon de séparation. (Figure 12).



Figure 11: Plateau des échantillons



Figure 12 : Plateau de nettoyage des capillaires

Les 2 plateaux ont été mis dans le séquenceur et un soin particulier a été pris lors du codage des échantillons de façon à respecter l'ordre et la position des échantillons.

Le traitement des ADN par le séquenceur automatique (**BACKMAN COULTER**<sup>®</sup>) génère des électrophérogrammes (figure 13) représentant les différents allèles contenus dans le génotype de

chaque individu. Ces données ont été par la suite enregistrées automatiquement dans des fichiers auparavant créés au niveau de la base des données de l'ordinateur couplé au séquenceur.

L'analyse des électrophérogrammes permet d'identifier la taille des allèles, cet analyse est réalisé manuellement par une lecture directe. Les valeurs des tailles ainsi révélées pour chaque individu ont été mises sous forme d'un tableau Excel.

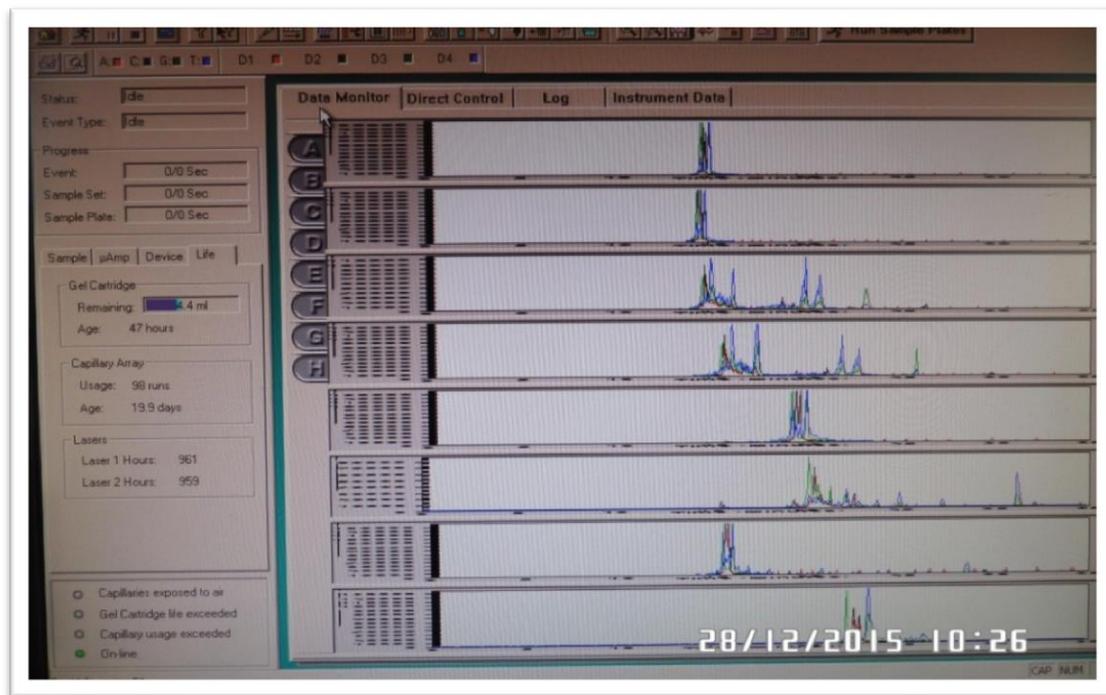


Figure 13: Début de génotypage des échantillons

### **9.2.6. Analyses statistiques :**

L'étude de la diversité génétique des espèces animales domestiques telles que les espèces caprines, ovines et bovines fait appel à des analyses statistiques adaptées s'appuyant sur des programmes informatiques très spécialisés.

En effet, avec le développement des sciences de la bioinformatiques et les progrès de la génétique des populations, plusieurs logiciels statistiques ont été mis au point afin d'effectuer de nombreuses opérations d'analyses des données fournies par les marqueurs moléculaires tels que les microsatellites.

#### **9.2.6.1. Principes des analyses de génétique des populations**

La variabilité génétique au sein d'une espèce d'animaux domestiques peut être au niveau intra population et interpopulation. Ces deux niveaux complémentaires exigent des logiciels de bioinformatique différents.

L'analyse des données du génotypage par les marqueurs microsatellitaire nécessite une approche statistique particulière afin de caractériser et la structure et la proximité génétique des populations caprines étudiées.

D'une part, une première analyse statistique nous a renseignés sur la déviation des populations étudiées par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg (EHW) ainsi que sur la structure et la variabilité génétique des populations.

D'autre part, des calculs de « distances génétiques » avec les arbres phylogénétiques correspondants, Analyse multidimensionnelle (AFC) ainsi que l'application de l'algorithme basé sur des méthodes bayésiennes de clustering en assignant les individus à un ou plusieurs groupes « clusters ».

Dans le cadre de cette étude, la caractérisation génétique de 4 races caprines locales et la recherche de leur proximité génétique possible, à partir de différents paramètres calculés pour les 18 microsatellites étudiés. Ces paramètres ont été calculés en utilisant différents logiciels

### **9.2.6.2. Equilibre de Hardy-Weinberg (EHW)**

Le concept de l'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW) a été mis en évidence au début du XX<sup>ème</sup> siècle par un mathématicien anglais, Hardy, et un médecin allemand, Weinberg. Il stipule que « Les fréquences alléliques restent stables de génération en génération dans une population diploïde idéale et ne dépendent que des fréquences de la génération initiale ».

Dans le cas le plus simple, avec un locus avec deux allèles (A) et (a) de fréquences alléliques (p) et (q) respectivement, la loi EHW prédit que la fréquence génotypique pour l'homozygote AA est  $p^2$ , celle de l'hétérozygote (Aa) est de  $2pq$  et que celle de l'homozygote (aa) est  $q^2$ .

La notion d'équilibre dans ce modèle est soumise aux conditions suivantes :

La population est panmictique ;

La population est de grande taille ;

Il ne doit y avoir ni sélection, ni mutation, ni migration ; et les générations ne sont pas chevauchantes, c'est-à-dire qu'il n'y a pas de croisement entre individus appartenant à différentes générations.

Une perturbation de l'EHW donne des indications sur la divergence génétique des populations. Celle-ci dépend des quatre forces évolutives suivantes : la sélection, les mutations, la dérive génétique et le flux génique. La conséquence de l'action de ces forces évolutives est de faire varier les fréquences alléliques et le taux d'hétérozygotes de la population par rapport à l'EHW.

Les écarts à la panmixie peuvent ainsi être le résultat du mode d'union des reproducteurs qui n'est pas panmictique (homogamie, hétérogamie, union entre apparentés, sélection des reproducteurs), de la fragmentation de la population en sous populations, c'est l'effet Wahlund, ou encore d'introductions récentes et/ou croisements entre populations différentes (excès d'hétérozygoties).

Ces données peuvent être très utiles pour comprendre l'histoire de la population. L'échantillonnage peut induire parfois des biais par une surreprésentation de certaines structures familiales. De plus, la présence d'allèles nuls ainsi que les artéfacts de lecture induisent une sous-estimation de l'hétérozygotie observée. Pour tester l'équilibre de Hardy-Weinberg, on définit une hypothèse nulle  $H_0$  ( $H_0$  : la population est en équilibre de Hardy-Weinberg).

### **9.2.6.3. Détection des allèles nuls**

Les problèmes de génotypage créent un vrai problème dans la fiabilité des données. Afin de déterminer si certains loci devaient être éliminés de l'analyse, le logiciel **GenAIEx 6.5** (Peakall and Smouse 2006, 2012) a été utilisé.

### **9.2.6.4. Taux de polymorphisme (PIC)**

Le taux de polymorphisme ou PIC "Polymorphic Information Content" renseigne sur le polymorphisme des marqueurs. Un marqueur est considéré comme informatif s'il permet de distinguer deux groupes de descendants selon l'allèle reçu d'un parent (Boichard *et al.*, 1998). Les valeurs de PIC, obtenues en sommant les probabilités qu'un marqueur soit informatif en fonction des configurations génotypiques des parents vont de 0 (monomorphe) à 1 (hautement discriminant) (Leroy, 2008).

Soit un locus à  $n$  allèles, l'allèle  $i$  ayant une fréquence  $p_i$  dans la population, le PIC de ce locus se calcule comme suit :

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

### 9.2.6.5. Le nombre allélique ( $N_a$ )

Le nombre allélique (ou fréquence allélique) est la principale valeur qui est à la base de l'analyse statistique de la variabilité génétique d'une population, soit la proportion de tous les allèles donnés d'un même type à un certain locus dans cette population (**Hartl, 1988**). Les fréquences alléliques ont été calculées pour chacune des races étudiées et données sous forme de tableau grâce au logiciel **GenAlEx 6.5 (Peakall and Smouse 2006, 2012)**.

Ainsi, la fréquence d'un allèle dans un échantillon est égale à deux fois le nombre de génotypes homozygotes pour cet allèle (car chaque homozygote porte deux copies de l'allèle) plus le nombre des génotypes hétérozygotes comportant cet allèle (car chaque hétérozygote porte une copie) divisé par deux fois le nombre total d'individus dans l'échantillon (car chaque individu porte deux allèles à ce locus) (**Hartl, 1988**).

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

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

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

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

#### **9.2.6.6. Nombre effectif d'allèles ou (Nombre efficace d'allèles) (Ne)**

Le nombre efficace d'allèles (Ne) est défini comme étant l'inverse de la probabilité que deux marqueurs, pris au hasard, présentent le même allèle (**Rognon et Verrier, 2007**) en un locus donné, comportant plusieurs allèles indicés  $i$  et de fréquences respectives :  $p_i (\sum_i p_i) = 1$ ,

Selon **Crow et Kimura, (1970)**, ce paramètre s'exprime comme suit:

$$Ae = 1 / \sum_i p_i^2 = 1 / (1 - H)$$

et

$$H = 1 - \sum_i p_i^2$$

Le nombre efficace d'allèles est un critère de variabilité intra population qui vient compléter l'analyse des fréquences alléliques. En effet, il est égal au nombre total d'allèles d'une race donnée dans le cas où les fréquences alléliques sont toutes égales et il est d'autant plus faible que les fréquences sont déséquilibrées. Les allèles les plus fréquents étant ceux qui pèsent le plus dans la valeur calculée.

Ce paramètre a été calculé à partir des fréquences alléliques des microsatellites étudiés en utilisant le logiciel **GenAlEx 6.5 (Peakall and Smouse 2006, 2012)**

#### **9.2.6.7. Taux d'hétérozygotie**

L'évaluation de la variabilité génétique au sein d'une population s'effectue généralement en référence à la proportion d'hétérozygotie au niveau d'un ou plusieurs locus. La manière la plus simple est de compter le nombre d'individus effectivement hétérozygotes.

##### **9.2.6.7.1. Taux d'hétérozygotie observé (Ho)**

Le taux d'hétérozygotie observé (Ho) est calculé par le rapport entre le nombre d'animaux hétérozygotes et le nombre total d'animaux typés pour le locus considéré.

### 9.2.6.7.2. Taux d'hétérozygotie attendue ( $H_e$ )

Le taux d'hétérozygotie théorique ( $H_e$ ) est calculé, sous l'hypothèse d'équilibre de Hardy-Weinberg à partir des fréquences alléliques déterminées pour chaque locus à l'aide de la formule suivante :

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

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

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

### 9.2.6.8. Nei statistiques (1973)

La variabilité entre populations peut être appréhendée par la mesure du coefficient de différenciation génétique ( $G_{ST}$ ) de Nei (1973) dans le cadre de l'analyse par décomposition hiérarchique de la diversité génétique. La diversité génétique totale de l'espèce ( $H_T$ ) peut être décomposée en diversité intra population ( $H_S$ ) et diversité inter populations ( $D_{ST}$ ). Les indices  $H_T$  et  $H_S$  sont calculés sous l'hypothèse de l'équilibre de Hardy-Weinberg et ne dépendent que des fréquences alléliques observées par la formule suivante :

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

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

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

$$G_{st} = (H_T - H_S) / H_T$$

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

$$H_T = 1 - \sum_i^k p_i^2$$

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

$$H_S = \frac{\sum_x^k H_{th}}{X}$$

### 9.2.6.9. F statistiques de Wright.

Dans une population subdivisée, il existe trois niveaux de complexité : les individus (I), les sous-populations (S) et la population totale (T). Dans ce travail, les populations relatives aux régions représentent les sous-populations et l'ensemble des populations représente la population globale. Pour mesurer l'organisation de la diversité génétique dans une population, **Wright (1978)** a défini l'hétérozygotie de chacun de ces trois niveaux respectivement par les paramètres suivants :  $H_I$ ,  $H_S$  et  $H_T$ . Le premier paramètre  $H_I$  correspond à l'hétérozygotie moyenne des individus sur l'ensemble des sous-populations. Il représente également l'hétérozygotie moyenne observée pour l'ensemble des gènes (ou loci) d'un individu. C'est aussi la probabilité d'hétérozygotie en un locus pris au hasard. Ainsi, si  $H_i$  est l'hétérozygotie observée dans la  $i$ ème sous-population, on aura, pour  $X$  sous-populations, la formule :

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

Le second paramètre  $H_S$  indique l'hétérozygotie attendue par individu pour chaque sous-population en la supposant à l'équilibre Hardy Weinberg. Il représente aussi l'hétérozygotie attendue dans une sous-population supposée à l'équilibre Hardy-Weinberg où  $p_i$  est la fréquence du  $i$ ème allèle. Soit pour la  $S$ ème :

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

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

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

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

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

Trois indices sont générés à partir de ces hétérozygoties :  $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  et  $F_{IT}$ . Ces derniers mesurent l'écart de l'hétérozygotie par rapport à l'équilibre Hardy-Weinberg (EHW) à différents niveaux. Le premier indice  $F_{IS}$  est défini par la relation:

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

Cet indice, appelé coefficient de consanguinité, mesure la réduction éventuelle de l'hétérozygotie des individus à l'intérieur de leur sous-population. En cas de consanguinité, cet indice est positif et indique un déficit en hétérozygotie. Évidemment, il prend la valeur zéro si les sous-populations sont à l'EHW. En revanche, s'il est négatif, les populations présentent un excès d'hétérozygotie. (**Hedrick, 2000**).

Entre les sous-populations et la population totale, l'effet de la subdivision est exprimé par un indice similaire :

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

Ce paramètre, appelé indice de fixation, correspond à la réduction de l'hétérozygotie dans les sous-populations liée aux différences de fréquences alléliques moyennes. Cet indice renseigne sur la différenciation et l'effet de subdivision des populations. Il prend la valeur zéro lorsque toutes les sous-populations ont les mêmes fréquences alléliques et sont à l'EHW. Dans le cas contraire, l'effet Wahlund implique que  $H_T$  soit plus grand que  $H_S$  et donc  $F_{ST}$  sera positif.

Selon **Frankham *et al.*, (2002)**, les valeurs de  $F_{ST}$  comprises entre 0,05 et 0,3 étaient typiques pour la différenciation des races de bétail et les mêmes auteurs ont précisé que des valeurs beaucoup plus faibles pourraient également être significatives.

Enfin, la réduction de l'hétérozygotie entre l'individu et la population globale théorique est donnée par la formule :

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

Ces trois indices sont liés par la relation :

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

Si toutes les sous-populations sont bien à l'EHW, on aura  $F_{IS} = 0$  et par conséquent  $F_{ST} = F_{IT}$ . Par ailleurs, si elles sont toutes à l'EHW et ont les mêmes fréquences alléliques, alors les trois indices seraient nuls. Dans ce cas, la division en sous-populations n'existe plus et la population globale est à l'EHW. Comme il a été souligné, l'indice de fixation  $F_{ST}$  permet de quantifier le degré de diversification génétique entre les populations. Les paramètres  $F_{IT}$ ,  $F_{IS}$  et  $F_{ST}$  désignent respectivement les indices de fixation d'un individu de la population, d'un individu d'une sous-population et d'une sous-population.  $F_{IT}$  et  $F_{IS}$  mesurent la corrélation entre les gamètes d'un même individu tiré au hasard respectivement dans une sous-population et dans la population totale.  $F_{IS}$  permet de mesurer le déficit local moyen d'hétérozygoties par

rapport à la structure de Hardy-Weinberg.  $F_{IT}$  permet de mesurer le déficit global d'hétérozygoties dans l'ensemble de la population.  $F_{ST}$  représente la corrélation entre deux gamètes tirés au hasard dans deux sous-populations différentes et renseigne sur le niveau de différenciation ou l'individualisation des sous-populations, déficit connu sous le nom de « effet de Wahlund »,  $0 \leq F_{ST} \leq 1$  (Nei, 1973). Le logiciel **Popgene 1.32** (Yeh *et al.*, 1997) a été utilisé pour le calcul de ces indices ; le niveau du test de signification est :  $p < 0,05$ .

#### **9.2.6.10. Flux des gènes**

La différenciation génétique entre populations est favorisée par la dérive et limitée par les flux génétiques entre les populations. Le nombre de migrants effectifs par génération ( $N_m$ ) est relié à la différenciation génétique  $F_{ST}$  par la relation :

$$N_m = \frac{(1 - F_{st})}{4F_{st}}$$

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

#### **9.2.6.11. Distances génétiques et arbres de classification**

Plusieurs méthodes, rendant compte de la divergence génétique et des relations phylogénétiques entre les populations, sont proposées (Rognon et Verrier, 2007).

Le but des calculs de distances génétiques est de quantifier les différences entre des groupes d'individus (des races dans notre cas). Chaque groupe est défini par un certain nombre de critères (les fréquences alléliques par exemple) à partir desquels la proximité ou l'éloignement entre ces groupes sont estimés. La notion de "distance" revient à réduire les données en une seule valeur qui caractérise la distance qui sépare les différents groupes.

Dans le cadre de ce travail, nous avons utilisé la fonction pour calculer les distances entre paires de races selon l'approche classique basée sur les fréquences alléliques dans chaque race en retenant la distance standard de Nei (1972) calculée avec les logiciels **Popgene** (Yeh *et al.*, 1997).

#### **9.2.6.12. Distance standard de Nei (1972)**

Elle est définie grâce au concept d'identité génétique. C'est le rapport de la probabilité que deux allèles pris au hasard dans chacune des deux populations soient identiques (non distinguables et non pas identiques par descendance) sur la probabilité que deux allèles pris dans la même population soient identiques. C'est une distance géométrique basée sur le calcul des fréquences alléliques. Cette distance considère un modèle mutation-dérive.

#### **9.2.6.13. Méthodes de construction des dendrogrammes**

Les dendrogrammes sont des diagrammes qui traduisent graphiquement les degrés de similitude entre les groupes et qui sont hiérarchisés en effectuant des moyennes entre les distances (**Solignac et al., 1995**).

Une fois les distances de Nei sont calculées, différentes méthodes qui se distinguent par leurs hypothèses évolutives et leurs algorithmes ont été appliquées pour la construction des dendrogrammes. Nous avons choisi la méthode de "Neighbor-Joining" (NJ) (**Saitou et Nei, 1987**), car elle est la plus couramment utilisée.

Cette méthode regroupe les populations en partant des plus ressemblantes pour aller jusqu'aux moins ressemblantes. Ainsi, dans une première étape, les populations les plus ressemblantes sont recherchées et regroupées. (**Laliberté, 1998**).

Le dendrogramme de distance génétique pour la race a été établi avec **Population 1.2.32 (Langella, 1999) et FigTree 1.4.2. (Rambout, 2006)** selon la matrice de distance génétique minimale de Nei (**Nei, 1972**), la méthodologie de rééchantillonnage bootstrap (1000 répétitions) a été réalisée pour tester la robustesse de la topologie du dendrogramme.

#### **9.2.6.14. Méthode "Neighbor-Joining"**

Cet algorithme conduit à la construction d'un arbre dans lequel la distance entre deux objets est égale à la somme des branches qui les rattachent. Les longueurs des branches sont ici inégales et ont un sens : elles représentent la quantité d'évolution d'un objet depuis sa divergence.

Le principe de cette méthode est d'identifier les paires les plus proches, ou voisins, de manière à minimiser la longueur totale de l'arbre. Deux voisins sont deux objets connectés par un nœud simple dans un arbre non enraciné (c'est-à-dire qui n'a pas d'origine, et qui reflète

des distances entre unités sans notion d'ancestralité). La topologie de l'arbre sera obtenue par regroupements successifs de paires de voisins. On démarre avec un arbre étoilé, où tous les objets sont à égale distance d'un nœud central, puis on définit des voisins de manière à ce que, s'ils sont regroupés, l'arbre a une longueur totale plus courte.

L'ensemble des dendrogrammes, que nous avons réalisé, a été obtenu par l'utilisation des logiciels **Popgene 1.32 (Yeh et al., 1997)**, à partir des matrices de distances génétiques de **Nei (1972)**, entre les 4 populations caprines étudiées avec les 18 microsatellites.

La stabilité des embranchements obtenus dans les arbres est estimée par la méthode de ré-échantillonnage dite du bootstrap (**Felsenstein, 1985**). Elle consiste à tirer au hasard, et avec remise, un ensemble de  $K$  caractères parmi, les  $K$  caractères constituant les données.

Dans notre étude, ce sont les marqueurs qui ont fait l'objet d'un rééchantillonnage. En effet, le tirage avec remise fait que, dans chaque nouvel échantillon, certains marqueurs sont présents plusieurs fois, d'autres sont absents, il y'a donc une pondération des différents marqueurs. Un grand nombre de nouveaux ensembles de données ont été ainsi créés (au total 1000) et ont été utilisés pour élaborer différents arbres, toujours avec la même méthode de classification. La comparaison des différents arbres permet d'estimer la fréquence d'apparition des regroupements entre les populations. Plus cette fréquence d'apparition est grande et plus le regroupement est considéré comme fiable.

### **9.2.6.15. Analyse factorielle des correspondances (AFC)**

L'analyse factorielle des correspondances (AFC) introduite par **Benzécri et al., (1973)**, a été adaptée aux données génétiques diploïdes par **She et al., (1987)**. L'AFC place chaque individu dans un hyper-espace à  $K$  dimensions ( $K$  étant le nombre total d'allèles présents sur l'ensemble des loci) et les projette sur les plans définis par les axes orthogonaux (donc indépendants) expliquant le mieux la dispersion des points (même principe que celui d'une régression). Une mesure de la pertinence des axes ainsi définis est représentée par le pourcentage d'inertie de chaque axe. Comme il y a  $K$  axes, un axe représentant  $100/K$  % d'inertie ne veut rien dire. L'inertie est donc proportionnelle non seulement à la quantité d'informations que l'axe correspondant représente, mais est aussi fonction du nombre total d'axes (plus il y a d'axes et moins chaque axe peut avoir une très forte inertie). L'AFC est une procédure qui peut s'avérer utile pour classer les individus en fonction de leur proximité génétique.

Pour apprécier les relations phylogénétiques entre les 4 races caprines algériennes étudiées, les résultats du génotypage des 18 microsatellites ont été utilisés pour l'Analyse Factorielle des Correspondances (AFC). Dans cette méthode, les objets analysés sont représentés sous forme d'un nuage de points dans un hyperespace qui a autant de dimensions qu'il y a de modalités (Race et individus). L'algorithme détermine une série d'axes factoriels. Par convention, le premier axe est celui qui a la plus forte contribution à l'inertie totale " AFC Populations " du logiciel GENETIX v 4.05 (**Belkhir et al., 2001**).

#### **9.2.6.16. Méthodes de clustering**

Afin de mettre en évidence l'existence de groupes génétiquement distincts à l'intérieur d'une population, **Pritchard et al., (2000)** ont développé un algorithme basé sur des méthodes Bayésiennes de Clustering à l'aide de **Structure (Pritchard et al., 2000; Falush et al., 2003, 2007; Hubisz et al., 2009)**.

Cette approche définit « K » sous-populations, en assignant les individus à un ou plusieurs groupes « clusters » avec un certain pourcentage, sans information a priori sur leur appartenance à une population. Les analyses de Structure ont été effectuées avec une brûlure de 20 000 de longueur, Suivi de 100 000 itérations de Monte Carlo à chaîne de Markov pour chacune de K = 2-4, Avec 20 courses répliquées pour chaque K, En utilisant des fréquences allèle indépendantes et un modèle de mélange.

La méthode d'Evanno (**Evanno et al., 2005**) a été utilisée pour identifier le nombre approprié de grappes (cluster) en utilisant  $\Delta K$ , en fonction du taux de variation de la probabilité logarithmique des données. Les valeurs K optimales ont été sélectionnées au moyen de STRUCTURE HARVESTER (**Earl et vonHoldt, 2012**).

# **RESULTATS ET DISCUSSION**

## **X. Résultats et discussion**

### **10.1. Qualité des ADN utilisés**

Le tableau 16 et l'annexe 18 rapportent les résultats de mesures effectuées avec le NanoDrop 2000 sur les ADN des races caprines

Tableau 16 : Résultats de mesures effectuées avec le NanoDrop 2000 sur les ADN des quatre races caprines étudiées.

<b>Échantillon</b>	<b>Concentration en acide nucléique</b>	<b>Unité</b>	<b>A260</b>	<b>A280</b>	<b>260/280</b>
<b>Moyenne</b>	<b>75,2</b>	<b>ng/µl</b>	<b>1,504</b>	<b>0,9353</b>	<b>1,6335</b>

La valeur moyenne de la concentration en acide nucléique est de 75,20 ng/µl, et se situe dans l'intervalle compris entre 50 à 150 ng/µl et permet de déduire que les échantillons d'ADN étudiés présentent une bonne concentration en ADN. Le rapport de la densité optique moyenne est de 1,63 (260/280) ce qui témoigne d'une bonne qualité des ADN extraits.

L'extraction d'ADN à partir du sang total de caprins par la technique NaCl « Salting Out » a donc été satisfaisante tant sur le plan quantitatif que qualitatif. Donc l'utilisation des kits n'est pas une fatalité, ces résultats ont fait la preuve.

### **10.2. Electrophorèse**

Les résultats de migration des produits de PCR sur gel d'agarose ont montré des résultats positifs, ces résultats confirment que la PCR a été effectuée avec succès et que les microsatellites ont été amplifiés dans des bonnes conditions.

### **10.3. Résultats de génotypage avec le séquenceur**

#### **10.3.1. Nombre d'allèles détectés**

L'ensemble des microsatellites choisis ont montré de bonnes performances lors de cette étude sur la diversité des chèvres algériennes tant sur le plan du nombre d'allèles détectés, de la diversité des gènes et des valeurs du PIC.

Les conclusions des travaux de **Barker, (1994)** recommandent lors de l'analyse de la diversité génétique de considérer un locus avec au moins 4 allèles. Dans le cadre de notre

étude, l'ensemble des loci analysés ont présenté un nombre d'allèles égal ou supérieur à 4, indiquant ainsi que tous les marqueurs étaient appropriés pour étudier la diversité génétique des races ciblées.

Un total de 450 allèles de 18 locus microsatellites a été observé (annexe 19). Ce nombre est supérieur à celui de 120 observé par **Missohou et al., (2011)** lors de l'étude de neuf races de chèvre d'Afrique occidentale, il est également plus élevé à celui de 313 observé par **Agaoglu et Ertugrul (2012)** lors de l'étude de chèvres turques. Il est également plus important comparé au nombre d'allèles (204) à la base des travaux de **Parejo et al., (2015)** sur les chèvres Retinta Extremena en Espagne. Enfin, signalons que seulement 135 allèles ont été isolés chez la chèvre de race Gaddi de l'Himalaya occidental (**Singh et al., 2015**).

Tel que indiqué par la figure 14 et l'annexe 20, le nombre moyen d'allèles est de 25 par locus, ce qui justifie la sélection des marqueurs utilisés (tableau 14) pour l'analyse de la diversité génétique des chèvres de races locales.

Le nombre de 25 allèles par locus est largement supérieur à celui mentionné par les travaux de **Dixit et al.,(2010)** sur les races de chèvres du sud de l'Inde (14,12 allèles), de **Dixit et al., (2011)** sur la chèvre de race Kanniadu (8,64 allèles), de **Dixit et al., (2012)** sur 22 races de chèvres indiennes (16,48 allèles), de **Missohou et al., (2011)** sur la chèvre de race ouest-africaine (11,7 allèles), de **Agaoglu et Ertugrul, (2012)** sur les races de chèvres turques (15,65), de **Singh et al., (2015)** sur la race de chèvre Gaddi de l'Himalaya occidental (9), de **Bosman et al., (2015)** sur les chèvres laitières sud-africaines (8), de **Radhika et al., (2015)** sur les groupes génétiques caprins indigènes et croisés du Kerala, en Inde (16,5), de **Parejo et al., (2015)** sur les chèvres Retinta Extremena en Espagne (9,27).

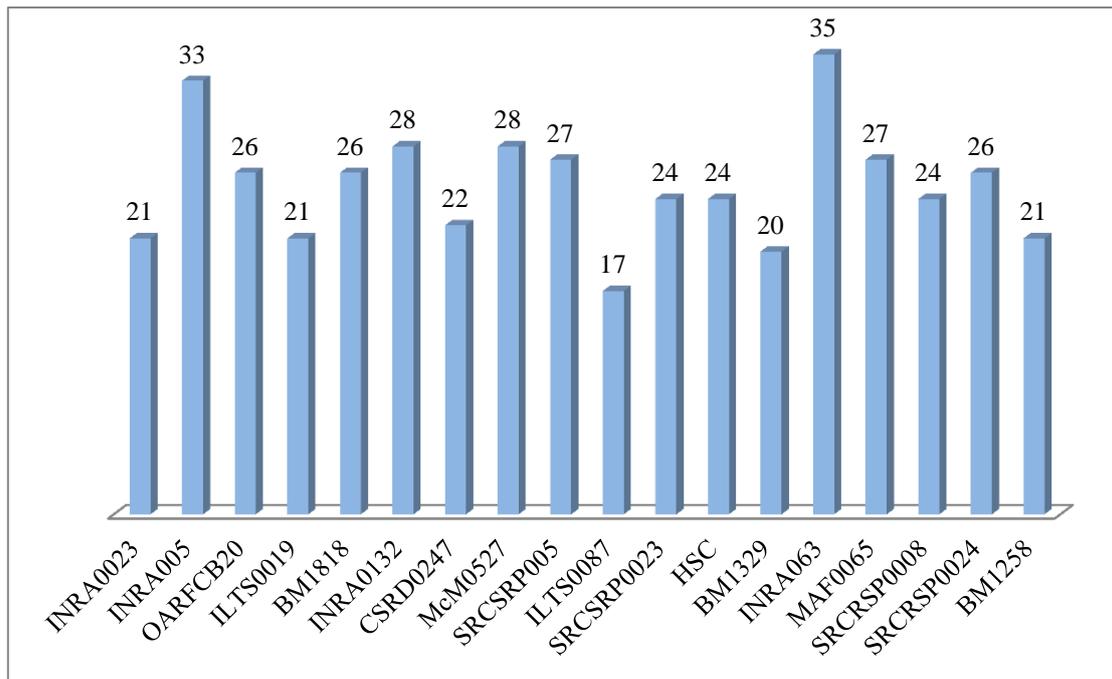


Figure 14 : Nombre moyen d'allèles détectés par locus

### 10.3.2. Nombre moyen effectif des allèles

Le nombre moyen d'allèles est un indicateur raisonnable de la variabilité génétique au sein des populations, tel que rapporté par **Kumar et al., (2009)**. Le nombre moyen effectif d'allèles observé est de 16,73, il varie de 11,60 pour (ILTS0087) à 24,84 pour (INRA063) comme indiqué par la figure 15 et l'annexe 21. Ce nombre est nettement supérieur à celui de 4,22 rapporté par **Dixit et al., (2011)**, de 6,58 mentionné par **Singh et al., (2015)** et de 4,01 concernant la population de Retinta Extremena (**Parejo et al., 2015**).

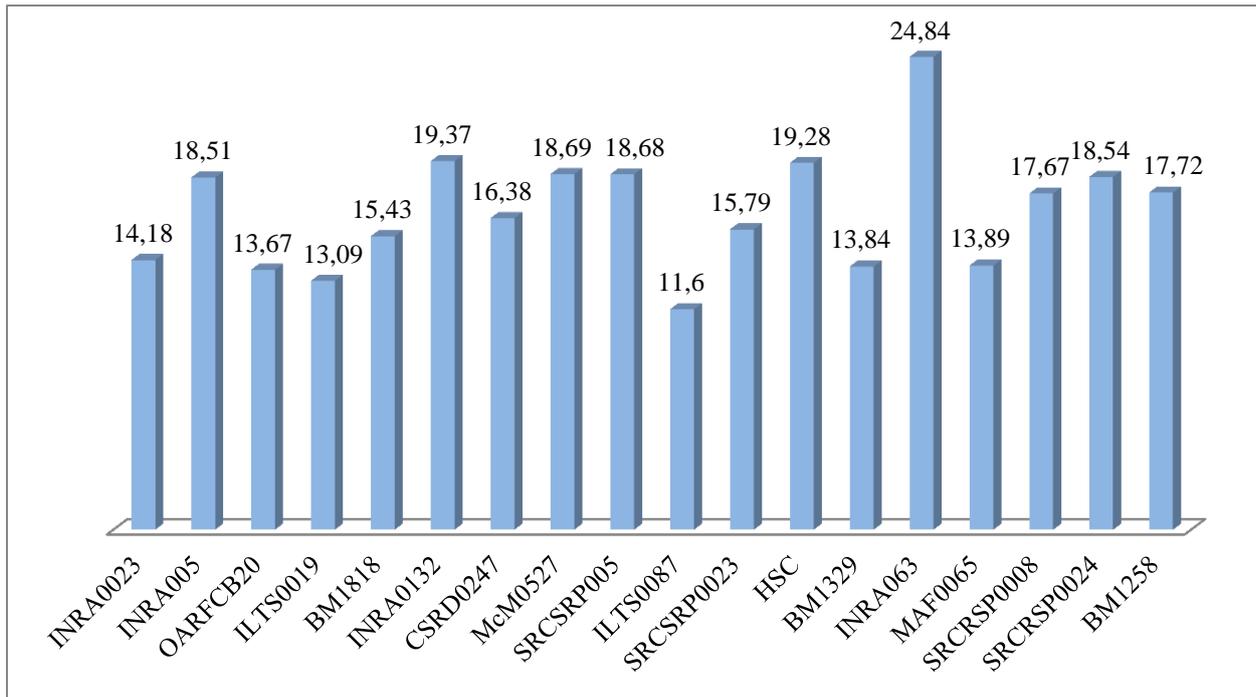


Figure 15 : Nombre moyen effectif des allèles détectés par locus

### 10.3.3. Contenu d'information polymorphe (PIC):

L'évaluation statistique de l'informativité d'un marqueur est définie par les valeurs PIC, les marqueurs génétiques montrant des valeurs PIC supérieures à 0,5 sont considérés comme informatifs dans l'analyse génétique de la population (**Botstein et al., 1980**). Les valeurs de PIC dans notre étude se situent entre 0,91 (ILTS0087) et 0,96 (INRA063) comme l'illustrent la figure 16 et l'annexe 22 et la moyenne des valeurs de PIC est de l'ordre de 0,93. Cette dernière valeur est supérieure à celles de 0,78 caractérisant les races de chèvres turques (**Agaoglu et Ertugrul, 2012**) de 0,67 (**Parejo et al., 2015**) de 0,81 (**Singh et al., 2015**) et de 0,60 (**Bosman et al., 2015**). Le PIC estimé dans la présente étude est supérieur à 0,75, les marqueurs sélectionnés se sont révélés donc très informatifs pour l'analyse de la diversité génétique intra et inter populations, comme indiqué par **Radhika et al., (2015)**.

Les valeurs PIC observées sont en rapport avec l'augmentation de l'hétérozygotie et de la richesse allélique dans la population caprine locale étudiée ; ils constituent indéniablement de bons indicateurs du polymorphisme génétique de cette population. L'ordre de grandeur des valeurs observées indiquent que sur le plan méthodologique les marqueurs utilisés constituent des outils de qualité pour l'analyse de la diversité génétique des races caprines algériennes.

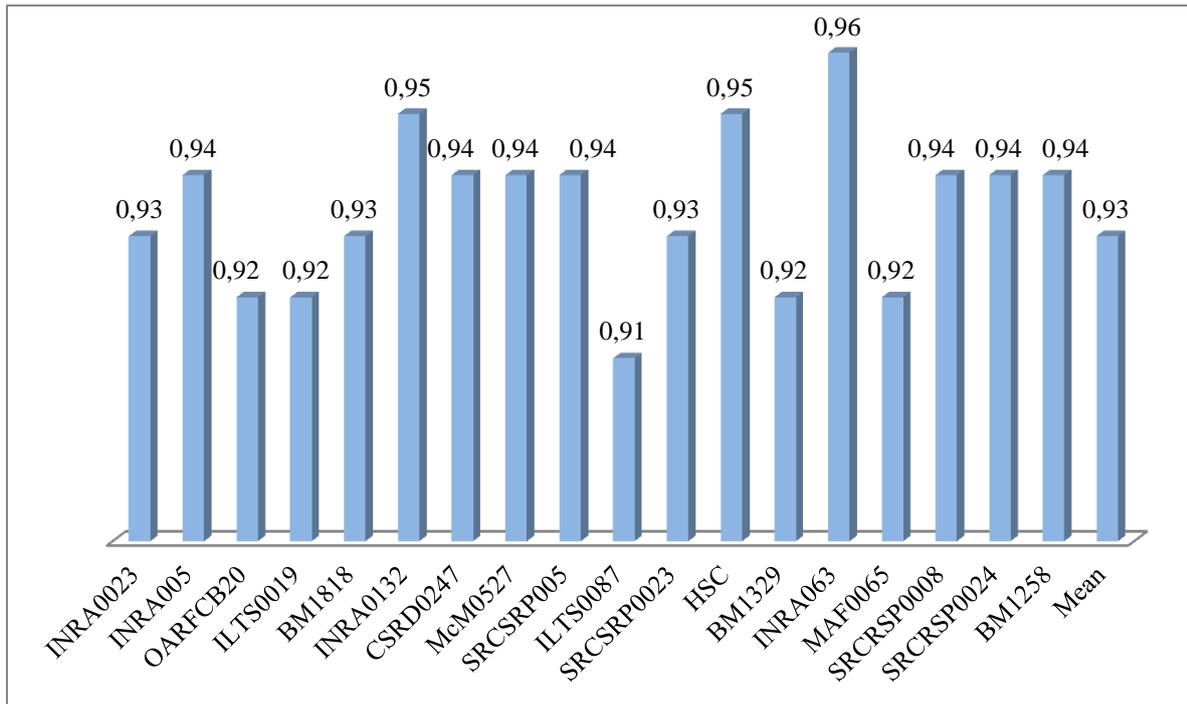


Figure 16 : Valeurs du PIC par locus

#### 10.3.4. Les F statistiques de Wright ( $F_{IS}$ , $F_{IT}$ , $F_{ST}$ )

Le  $F_{IS}$  est une mesure de l'écart des fréquences génotypiques à partir des fréquences panmictiques en termes de déficit ou d'excès d'hétérozygote. Les valeurs négatives du  $F_{IS}$  indiquent un excès d'hétérozygote et les valeurs positives indiquent une carence en hétérozygote par rapport aux attentes d'équilibre de Hardy-Weinberg (**Hedrick, 2000**).

Parmi les 18 loci utilisés, seuls 2 loci (OARFCB20 et INRA0023) ont montré des valeurs de  $F_{IS}$  négatives indiquant ainsi, l'excès d'hétérozygotes ; toutefois, leurs valeurs sont très proches de zéro. De façon générale, les valeurs du  $F_{IS}$  se situent entre -0,061 (INRA0023) et 0,179 (INRA063) comme illustré par la figure 17 et l'annexe 23.

La moyenne des valeurs du  $F_{IS}$  est de l'ordre de 0,057, elle est plus élevée que celle des populations de chèvres suisses (0,014) signalée par **Glowatzki-Mullis et al., (2008)**. Elle est également élevée comparée à la valeur de 0,037 rapportée par **Agaoglu et Ertugrul, (2012)** lors d'une étude sur des races de chèvres turques indigènes. L'écart reste également important entre la valeur  $F_{IS}$  que nous avons observée et celle de l'ordre de 0,02 concernant des chèvres laitières sud-africaines (**Bosman et al., 2015**). L'analyse génétique menée par **Parejo et al., (2015)** sur des chèvres Retinta Extremena révèle une valeur de  $F_{IS}$  de 0,006.

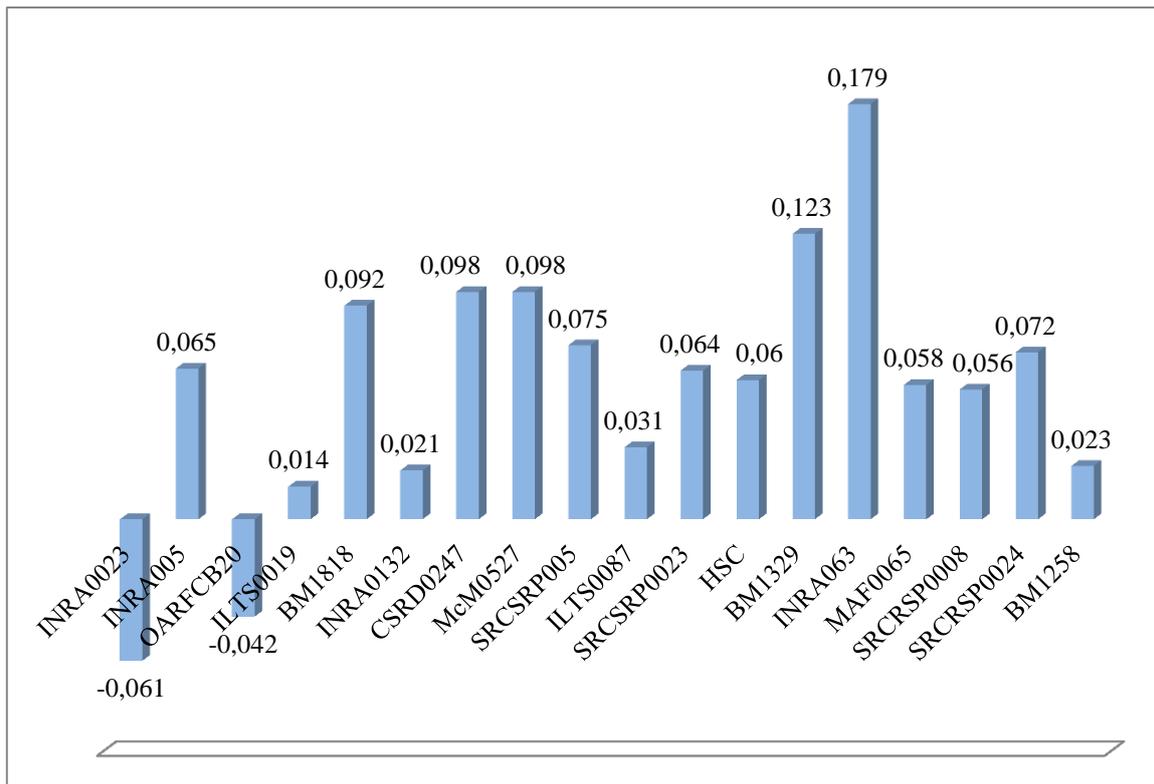
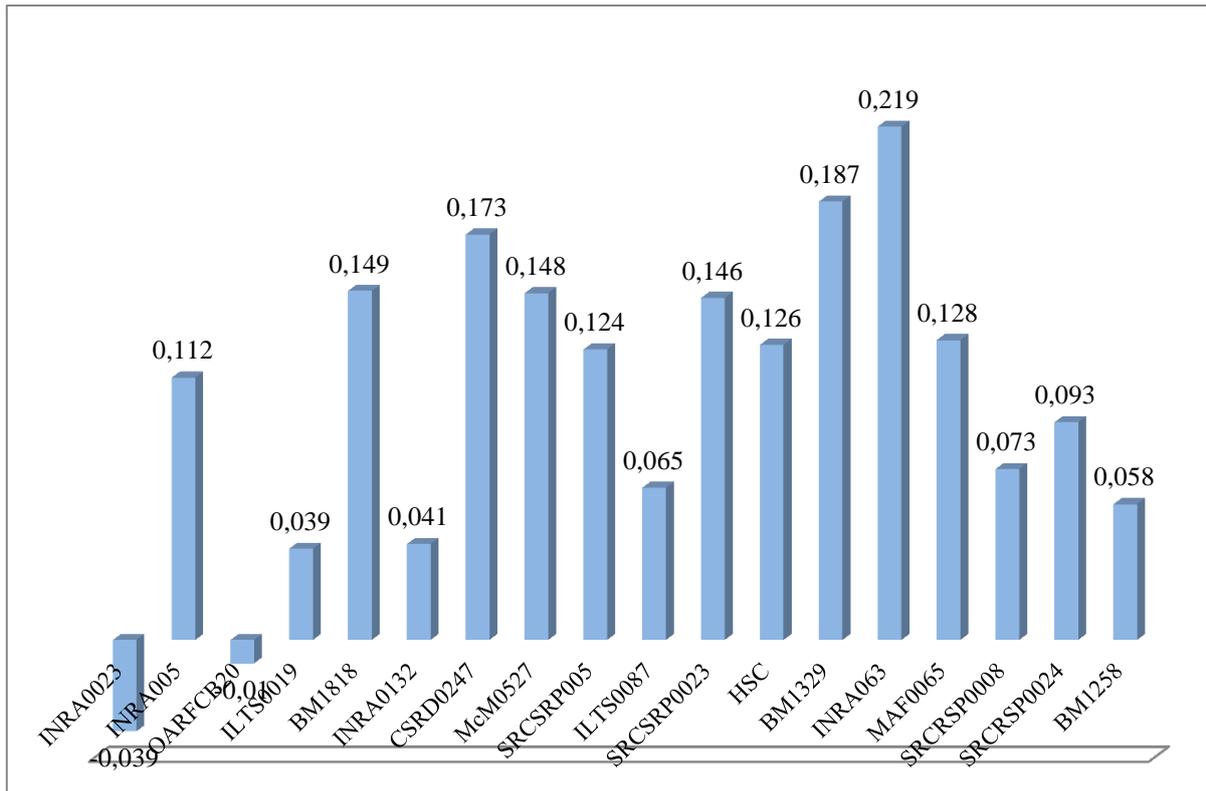


Figure 17 : Valeurs de F<sub>ITS</sub> pour chaque microsatellite

La figure 18 et l'annexe 24 montrent que la valeur F<sub>IT</sub> indicatrice d'une perte générale d'hétérozygotie, évolue dans un intervalle allant de -0,039 (INRA0023) à 0,219 (INRA063). La valeur moyenne de ce paramètre est de 0,102 ; elle est relativement supérieure aux valeurs de 0,08 et 0,077 signalées respectivement dans les travaux de **Bosman et al., (2015)** de **Parejo et al., (2015)**.

Figure 18 : Valeurs de F<sub>IT</sub> pour chaque microsatellite

Les différences entre populations examinées par l'indice de fixation F<sub>ST</sub> pour chaque locus, sont présentées dans la figure 19 et l'annexe 25. Selon **Frankham et al., (2002)**, les valeurs de F<sub>ST</sub> comprises entre 0,05 et 0,3 sont typiques des races de bétail différenciées (est donc isolé les uns des autres). Dans notre étude, le F<sub>ST</sub> le plus élevée a été observée pour SRCSRP0023 (0,087) et le F<sub>ST</sub> le plus faible pour SRCRSP0008 (0,018) avec une moyenne de 0,048 indiquant que seulement 4,8% de la variabilité génétique pourrait être attribuée à la différence entre les races, alors que 95,2% de la différenciation génétique est due à des différences entre les individus dans la race.

Sur une population de 45 races caprines européennes et du Moyen-Orient **Canon et al., (2006)**, rapportent que seulement 7% de la variabilité génétique totale était attribuée aux différences inter races. **Agha et al., (2008)**, **Serrano et al., (2009)** et **Amie Marini et al., (2014)** indiquent que les valeurs F<sub>ST</sub> concernant respectivement les chèvres égyptiennes (0,06), les chèvres Gudarrama (0,02) et Malaysienne (0,06) sont faibles.

Le F<sub>ST</sub> était compris entre 0,13 à 0,165 pour les chèvre de Sud de l'Inde (**Dixit et al., 2012**), et pour les chèvres turque il était de 0,030 **Agaoglu et Ertugrul (2012)**, et pour la chèvre iranienne il était de 0,062 (**Vahidi et al., 2014**). Pour les chèvres Retinta Extremena en

Espagne il était de 0,072 (**Parejo et al., 2015**), pour les races nigérianes le  $F_{ST}$  étaient de 0,077 (**Murital et al., 2015**). 0,075 pour les chèvres Turque (**Bulut et al., 2016**). le  $F_{ST}$  de chèvre nord-africaine était de 0,075 (**Elbeltagy et al., 2016**),

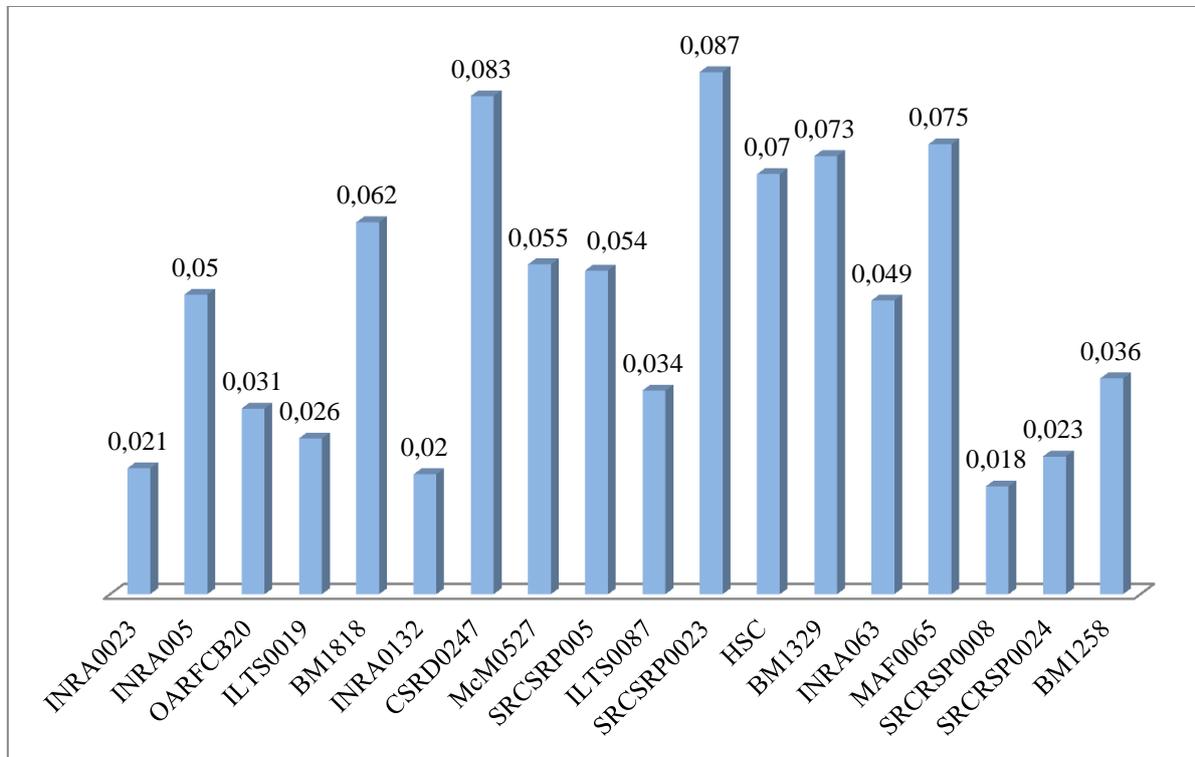


Figure 19 : Valeurs de  $F_{ST}$  pour chaque microsatellite

### 10.3.5. Hétérozygotie moyenne ( $\hat{H}$ ) :

La variabilité génétique d'une population est généralement estimée par l'hétérozygotie moyenne par locus, alors que les différences de gènes entre deux populations peuvent être mesurées par la distance génétique standard de Nei. Dans notre étude, la valeur moyenne de l'hétérozygotie ( $\hat{H}$ ) pour tous les loci étudiés est de 0,89, avec 0,86 pour (BM1329) et 0,93 pour (INRA0132) (figure 20, annexe 26). Ces valeurs sont proches de celle observée par **Singh et al., (2015)** qui est de 0,83.

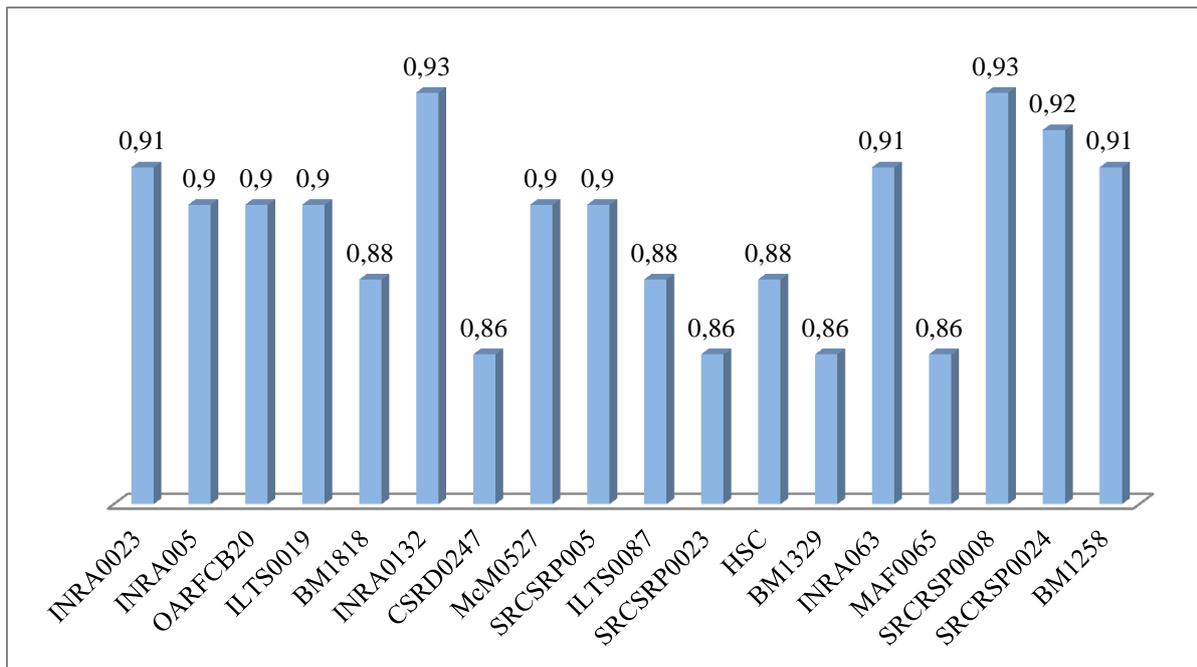


Figure 20 : Hétérozygotie moyenne ( $\hat{H}$ ) pour chaque locus

### 10.3.6. Hétérozygotie observée ( $H_o$ ) et Hétérozygotie attendue ( $H_e$ ) :

Les figures 21 et 22 ainsi que l'annexe 8 présentent les valeurs des hétérozygoties observées ( $H_o$ ) et attendues ( $H_e$ ). La valeur  $H_o$  la plus élevée a été observée pour le locus INRA0023 (0,96) et la valeur la plus basse a été observée pour le locus BM1329 (0,76) ; la valeur moyenne du critère  $H_o$  est de l'ordre de 0,84.

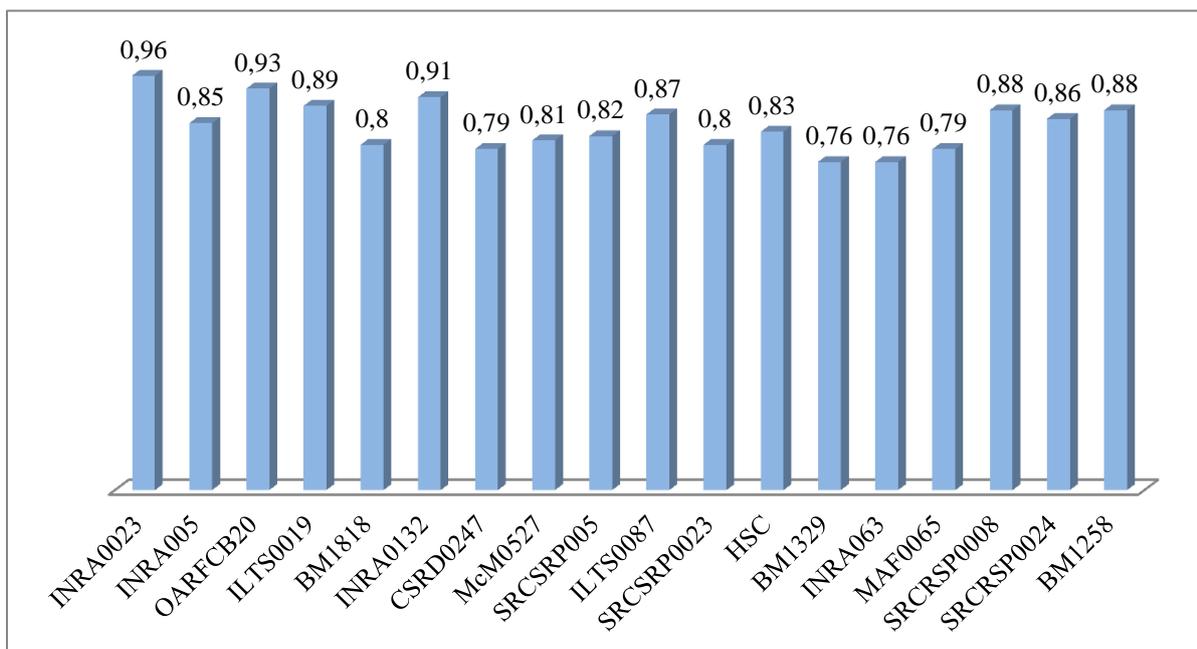


Figure 21 : Hétérozygotie observée ( $H_o$ ) par locus

L'hétérozygotie attendue ( $H_e$ ), est considérée comme un des meilleurs estimateurs de la variabilité génétique dans une population. Les valeurs extrêmes observées sont de l'ordre 0,91 (ILTS0087) et de 0,96 (INRA0639), avec une moyenne de  $H_e$  de 0,94. Il apparaît que la valeur de  $H_e$  est supérieure à celle du  $H_o$ , ce qui reflète un déficit d'hétérozygote dans la population. La valeur moyenne  $H_o$  (0,84) est supérieure à celle rapportée par plusieurs auteurs (Sechi *et al.*, 2007, Kumar *et al.*, 2009, Dixit *et al.*, 2010, Agaoglu et Ertugrul, 2012, Mahmoudi *et al.*, 2014, Singh *et al.*, 2015, Radhika *et al.*, 2015, Seilsuth *et al.*, 2016 et Du *et al.*, 2016).

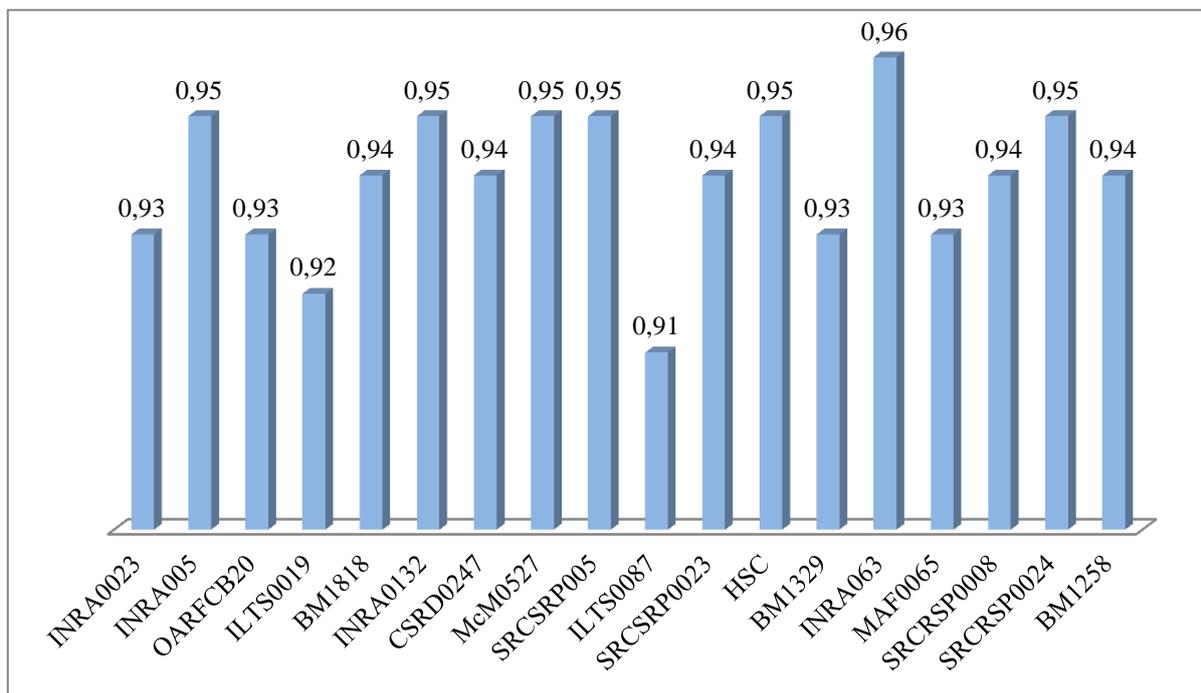


Figure 22 : Hétérozygotie attendue ( $H_e$ ) par locus

Les données obtenues relative à l'hétérozygotie sont en faveur d'une importante diversité génétique des populations étudiées. Les valeurs  $H_o$  légèrement inférieures témoignent d'un léger déficit d'hétérozygotie. Une variation génétique plus élevée peut être attribuée au mélange de différentes populations et à une pression de sélection plus faible, alors que le déficit en hétérozygote peut être dû à la consanguinité causée par le manque de bons géniteurs (boucs) dans la population, à la grande taille de la population et à la migration du à l'importation de race exogènes.

### 10.3.7. Fréquence d'allèle nulle F(Null):

De faibles fréquences en allèle nulles ( $<0,05$ ) ont été observé pour OARFCB20, ILTS0019, INRA0023, INRA0132, ILTS0087, BM1258, SRCRSP0008 et SRCRSP0024 (figure 23 et annexe 27).

Les fréquences d'allèle nulles élevées ( $> 0,05$ ) ont été observées pour les locus : HSC, SRCSRP005, SRCSRP0023, BM1818, McM0527, MAF0065, CSR0247, BM1329 et INRA063.

Des fréquences très proches (de 0,05) peuvent être tolérées (Cemal *et al.*, 2013)

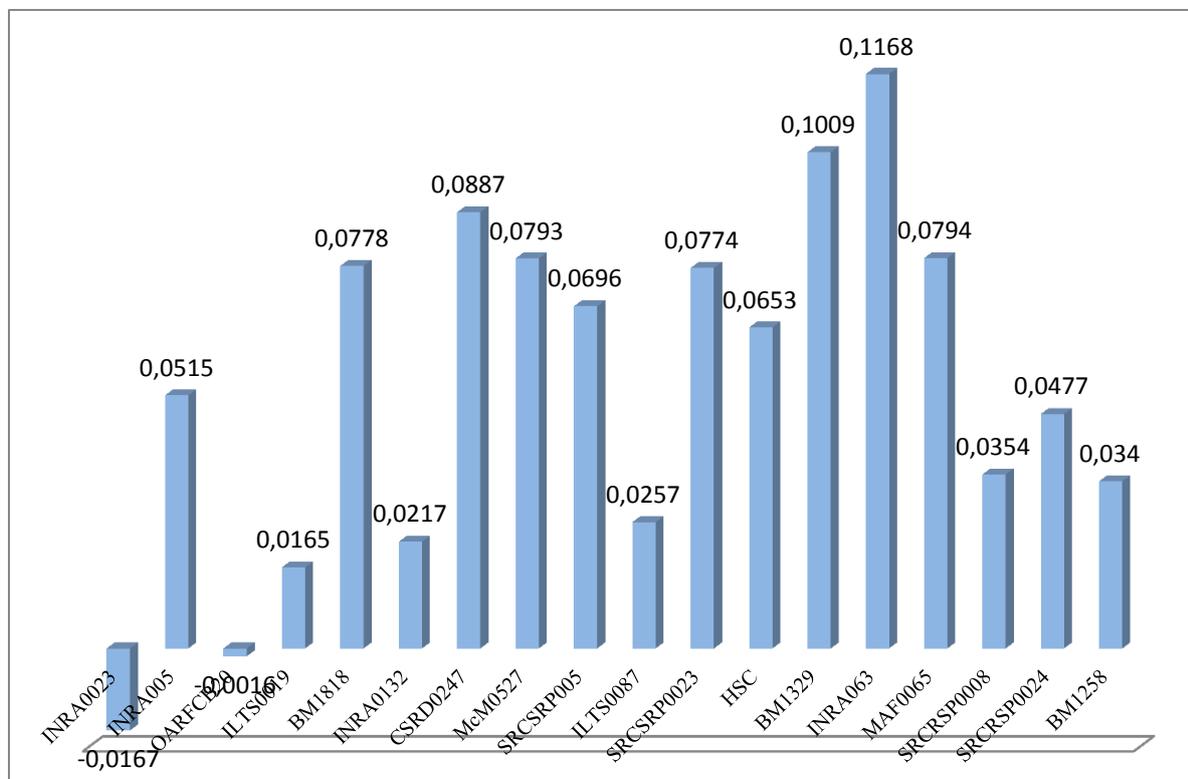


Figure 23 : Fréquences des allèles nulles F(Null) par locus

### 10.3.8. L'équilibre de Hardy-Weinberg (HWE):

Lorsque s HWE n'est pas atteint dans une population, une déviation des fréquences génotypiques est observée. Les écarts observés chez certains marqueurs dans les populations peuvent avoir été causés par la consanguinité, l'homogamie, l'hétérogamie, l'effet père, l'effet Wahlund et par la non-amplification (présence d'allèles nuls). L'équilibre de Hardy-Weinberg (HWE) a été testé pour toutes les populations et les résultats sont regroupés dans le tableau 17.

L'évaluation de l'équilibre génétique dans les races examinées a montré des différences très significatives ( $P < 0,001$ ) pour tous les loci (statistiques de Wright selon **Weir et Cockerham, (1984)**. **Araújo et al., (2006)** n'ont trouvé aucune déviation de HWE pour les deux marqueurs (ILST011 et INRA006) dans les populations Alpine, Saanen et Moxotó. **Bosman et al., (2015)** ne rapportent aucune déviations a HWE, sauf pour un seul locus (INRA40).

Tableau 17 : Paramètres du polymorphisme génétique des 18 loci étudiés

Loci	HWE	D <sub>ST</sub>	G <sub>ST</sub>	H <sub>T</sub>	Nm*
<b>INRA0023</b>	***	0,013	0,014	0,932	11,77
<b>INRA005</b>	***	0,041	0,043	0,952	4,71
<b>OARFCB20</b>	***	0,022	0,024	0,927	7,88
<b>ILTS0019</b>	***	0,017	0,019	0,923	9,26
<b>BM1818</b>	***	0,051	0,054	0,940	3,78
<b>INRA0132</b>	***	0,012	0,013	0,950	11,97
<b>CSR0247</b>	***	0,071	0,075	0,941	2,76
<b>McM0527</b>	***	0,045	0,047	0,951	4,26
<b>SRCRSP005</b>	***	0,044	0,046	0,949	4,39
<b>ILTS0087</b>	***	0,025	0,027	0,914	7,01
<b>SRCRSP0023</b>	***	0,074	0,079	0,940	2,63
<b>HSC</b>	***	0,059	0,062	0,949	3,34
<b>BM1329</b>	***	0,060	0,065	0,930	3,19
<b>INRA063</b>	***	0,039	0,040	0,964	4,85
<b>MAF0065</b>	***	0,062	0,067	0,927	3,08
<b>SRCRSP0008</b>	***	0,009	0,010	0,946	13,66
<b>SRCRSP0024</b>	***	0,014	0,015	0,948	10,73
<b>BM1258</b>	***	0,027	0,029	0,946	6,62
<b>Moyenne</b>		0,038	0,040	0,941	6.439

**HWE**: Equilibre de Hardy-Weinberg, **H<sub>T</sub>**: Diversité génétique de Nei, **D<sub>ST</sub>**: Diversité entre les races, **G<sub>ST</sub>**: Coefficient de différenciation des gènes et **Nm**: Flux de gènes estimé ( $Nm = 0,25 (1 - F_{ST}) / F_{ST}$  (Nei 1987))

### 10.3.9. La diversité génétique de Nei (H<sub>T</sub>), la diversité entre les races (D<sub>ST</sub>) et coefficient de différenciation des gènes (G<sub>ST</sub>)

La valeur moyenne de la diversité des gènes Nei (H<sub>T</sub>), la valeur de la diversité entre races (D<sub>ST</sub>) et le coefficient de différenciation des gènes (G<sub>ST</sub>) sont respectivement de 0,941, 0,038 et 0,040 (tableau 17) explique et compare avec les F statistique.

### **10.3.10. Le flux génétique (Nm)**

Le flux génétique (Nm) qui représente le nombre de migrants par génération a une valeur moyenne de 6,439 (tableau 17). Il est supérieur à celui rapporté par **Kim et al., (2002)** : 3,18 pour les races caprines chinoise et Saanen qui présentent une grande similarité génétique entre elles. Ces auteurs ont également signalé que lorsque le flux génétique est faible (0,71), cela traduit une forte différenciation génétique, tel est le cas observé entre les chèvres coréennes et Saanen.

Un flux génétique de 9,78 est signalé par **Ligda et al., (2009)** pour les races ovines grecques et expliquerait selon ces mêmes auteurs, l'hétérozygotie élevée observée chez ces races. Les travaux de **Radhika et al., (2015)** font état d'un flux de gènes de 7,32 pour les chèvres indigènes et croisées du Kerala en Inde.

### **10.3.11. Nombre moyen d'allèles (MNA):**

Les résultats de la diversité génétique pour chaque race sont résumés dans le tableau 18. Le nombre moyen d'allèles (MNA) varie de 12,94 pour la race MO à (16,39) pour la race AR. La valeur de ce critère est forte, comparée à celle rapportée par **Li et al., (2002)**, qui rapportent que les races de chèvres chinoises, évaluées par 25 microsatellites, ont un nombre limité d'allèles : de 5,24 à 7,77, de **Iamartino et al., (2005)** qui est de 7,3 et qui concerne neuf races caprines différentes, dont la Saanen et l'Alpine, de MNA rapporté par **Agha et al., (2008)** pour des races de chèvres italiennes et égyptiennes évaluées par sept microsatellites a une valeur de 6,5, de 14,12 pour une race caprine du sud de l'Inde (**Dixit et al., 2010**), des chèvres Saoudienne Ardi évaluées par 14 loci, où le MNA est de 6,664 (**Aljumaah et al., 2012**), des travaux de **Agaoglu et Ertugrul, (2012)** qui ont signalé un MNA qui variaient de 10,45 (race de chèvre d'Honamli) à 11,8 (race de chèvre Angora), de certaines races de chèvres telles que Ardi, les Bédouins noirs et les chèvres de Damas de l'Arabie Saoudite, de Jordanie et de Syrie, qui respectivement, ont des valeurs de MNA de 8.25, 9 et 7.25, (**Al-Atiyat et Aljumaah, 2014**), des résultats de **Bosman et al., (2015)** qui ont constaté que le MNA variait de 3 à 12 (avec une moyenne de 8) chez les populations de chèvres sud-africaines, des résultats de **Al-Atiyat et al., (2015)** qui relatent un MNA variant de 5,06 à 6,88 pour la race somalienne du Jabali de l'Arabie Saoudite, des races de chèvres sud-italiennes Girgentana, Maltese et Argentata del l'Etna qui ont montré un MNA de 6,60, 7,7 et 8,2 respectivement (**Criscione et al., 2016**).

Tableau 18. Paramètres de polymorphisme génétique selon les races de chèvre étudiées sur 18 loci

Races	MNA	Hétérozygotie moyenne		F <sub>IS</sub>	HWE	NPA		
		Ho (SE)	He (SE)			Freq. ≥5%	Freq. <%5	Total
ME	14,00	0,82 (0,030)	0,89 (0,010)	0,085	16	17	9	26
MO	12,94	0,83 (0,022)	0,88 (0,008)	0,077	5	13	6	19
AR	16,39	0,83 (0,015)	0,90 (0,006)	0,082	16	13	17	30
NK	16,06	0,89 (0,013)	0,90 (0,006)	0,023	16	32	11	43

**MNA:** Nombre moyen d'allèles, **Ho:** hétérozygotie moyenne observée, **He:** hétérozygotie moyenne attendue, **F<sub>IS</sub>:** Déficit hétérozygotie intra-race, **HWE:** nombre de locus ne se trouvant pas dans l'équilibre de Hardy-Weinberg (P <0,05), **NPA:** nombre d'allèles privés

### 10.3.12. Hétérozygotie moyenne observée (Ho) :

L'hétérozygotie observée est signalée dans le tableau 18. Il varie de 0,82 pour la race Mekatia à 0,89 pour la race Naine de Kabylie. Ces valeurs sont élevées par rapport à celles rapportées par **Luikart *et al.*, (1999)** et **Missohou *et al.*, (2011)** sur la chèvre de race ouest-africaine

### 10.3.13. Hétérozygotie moyenne attendue (He) :

Les valeurs du critère He sont consignées dans le tableau 18. La valeur la plus basse concerne la race M'zabite (0,88) et la plus élevée est observée chez les races Arbia et Naine de Kabylie (0,90). Ces valeurs sont supérieures à celles obtenues par **Elbeltagy *et al.*, (2015)** relatives à une étude sur cinq races de chèvres locales égyptiennes et syriennes. Les valeurs observées dans notre travail, restent également plus élevées à celles obtenues à partir d'analyse réalisées sur 6 races de chèvres portugaises et 6 races de chèvres brésiliennes (**Ribeiro *et al.*, 2012**) et à partir de populations croisées et pures de chèvres de Sardaigne (**Sechi *et al.*, 2007**) et de 9 races caprines italiennes (**Iamartino *et al.*, 2005**). Le He était de 0,67, 0,71 et 0,741 pour la chèvre sud-italienne englobe Maltese, Girgentana et Argentata del l'Etna respectivement (**Criscione *et al.*, 2016**).

Dans la plupart des populations étudiées, l'hétérozygotie attendue est plus élevée que l'hétérozygotie observée, ce qui indique un déficit en hétérozygotie tel que rapporté par **Missohou *et al.*, (2011)**

#### **10.3.14. Déficit d'hétérozygotie intra-race ( $F_{IS}$ ) :**

Les races Naine de Kabylie, M'zabite, Arbia et Mekatia ont montré respectivement une valeur  $F_{IS}$  positive de 0,023, 0,077, 0,082 et 0,085 (tableau 17). **Al-Atiyat et al., (2015)** rapportent des valeurs de -0,059, -0,056, -0,400 et -0,3333 pour les races Jabali, Bishi, Tohami et Somali, respectivement chez les chèvres saoudienne. Les valeurs de  $F_{IS}$  rapportées pour les chèvres de la race Bishi et de race Najarani sont respectivement 0,114 et 0,123, étude réalisé par **Canon et al., (2006)**. Pour la chèvre Saoudienne Ardi, **Aljumaah et al., (2012)** signalent une valeur du  $F_{IS}$  de l'ordre de 0,18.

Sur la base des valeurs de  $F_{IS}$  qui sont respectivement de -0,063, de -0,035 et de -0,005 pour la chèvre Toggenburg, British Alpine et Saanen, **Bosman et al., (2015)** considèrent qu'il y a une faible différenciation génétique de ces populations. Ce constat s'explique par le fait que les races alpines : Saanen, Toggenburg et Alpin britanniques ont été sélectionné comme chèvres laitières et, par conséquent, elles présentent un grand nombre de traits en commun. En ce qui concerne nos données, il apparait que les races de chèvres algériennes ciblées montrent une forte différenciation génétique.

#### **10.3.15. Nombre d'allèles privés (NPA):**

Un total de 118 allèles privés a été observé, et le plus grand nombre (43) concerne la race NK. Il est à signaler que pour la race MO, seulement 6 allèles privé ont été identifiés dont un est présent chez la race à une fréquence supérieure à 5%.

Le nombre d'allèles privées présent a une fréquence  $> 5\%$  est de 17 allèles. Ce résultat se trouve chez la race AR. Ce résultat est supérieur par rapport à la fréquence des allèles privés identifiés pour le Toggenburg suisse (11 allèles) par **Glowatzki-Mullis et al., (2008)** et seulement quatre allèles par (**Bosman et al., 2015**) chez les populations de chèvres sud-africaines.

Un allèle privé est considéré comme ayant une fréquence élevée si cet allèle se produit dans plus de 20% de la population (**Glowatzki-Mullis et al., 2008**).

#### **10.3.16. Nombre de locus ne se trouvant pas en équilibre de Hardy-Weinberg ( $P < 0,05$ ) (HWE) :**

Les résultats obtenus montrent que 5 loci pour la race MO, et 16 pour les races ME, AR et NK ne sont pas en équilibre de Hardy-Weinberg (tableau 18). De telles observations

ont été signalées dans de précédents travaux tels que ceux de **Da Rocha et al., (2016)** sur des chèvres indigènes brésiliennes ; elles indiquent une déviation par rapport au couplage aléatoire (**Luikart et al., 1999; Barker et al., 2001; Li et al., 2002**). Plusieurs causes possibles de la déviation de l'HWE sont incriminées : la sous-structuration de la population, les allèles nuls, les croisements non panmictique et la pression de sélection (**Mekuriaw et al., 2016**).

Le grand nombre d'allèles génère de nombreuses combinaisons génotypiques, qui interfèrent avec le HWE, ce qui conduit à des proportions plus élevées de déviation par rapport à HWE. Les travaux d'**Agaoglu et Ertugrul, (2012)** ont montrés que toutes les races de chèvres turques sont a l'équilibre de Hardy-Weinberg.

### **10.3.17. Distances génétiques et établissement des relations phylogéniques**

Le tableau 19 présente la matrice génétique de Nei.

Tableau 19. Matrice de distance génétique de Nei (au-dessus de la diagonale) et matrice de distance génétique (au-dessous de la diagonale) de Nei.

<b>Races</b>	<b>ME</b>	<b>MO</b>	<b>AR</b>	<b>NK</b>
<b>ME</b>	***	0,465	0,507	0,378
<b>MO</b>	0,765	***	0,587	0,464
<b>AR</b>	0,680	0,533	***	0,463
<b>NK</b>	0,973	0,769	0,769	***

**ME:** Mekatia, **NK:** Naine de Kabylie, **AR:**Arbia, **MO:** M'zabite

Les valeurs du tableau indiquent que les distances génétiques les plus élevées concernent les races AR et MO (0,587) et les plus faibles sont signalées entre les races NK et ME (0,378).

Ces résultats indiquent que les races Arbia et M'zabite sont génétiquement proches, mais les races Naine de kabylie et Mekatia sont plus éloignées. Les estimations de distance génétique de **Nei, (1972)** révèlent une relation génétique étroite entre les quatre races, la distance génétique varie de 0,533 à 0,973.

La distance génétique la plus faible (0,0533) est observée entre les races M'zabite et Arbia, ce résultat s'expliquerait par le fait que ces 2 dernières races caprines sont élevées dans des

régions proches géographiquement. La race de chèvre Naine de Kabylie montre la plus longue distance génétique par rapport aux autres races.

En conséquence, le dendrogramme (figure 24) construit suivant les distances minimales de Nei, (1972) et la méthode NJ (Neighbour joining), rassemble les races Mekatia et Arbia dans le même groupe. En revanche, la population caprine M'zabite et Naine de Kabylie constitue chacune un groupe distinct. Ces résultats sont soutenus par l'analyse de STRUCTURE (Figure 25) et par l'AFC (Figure 26).

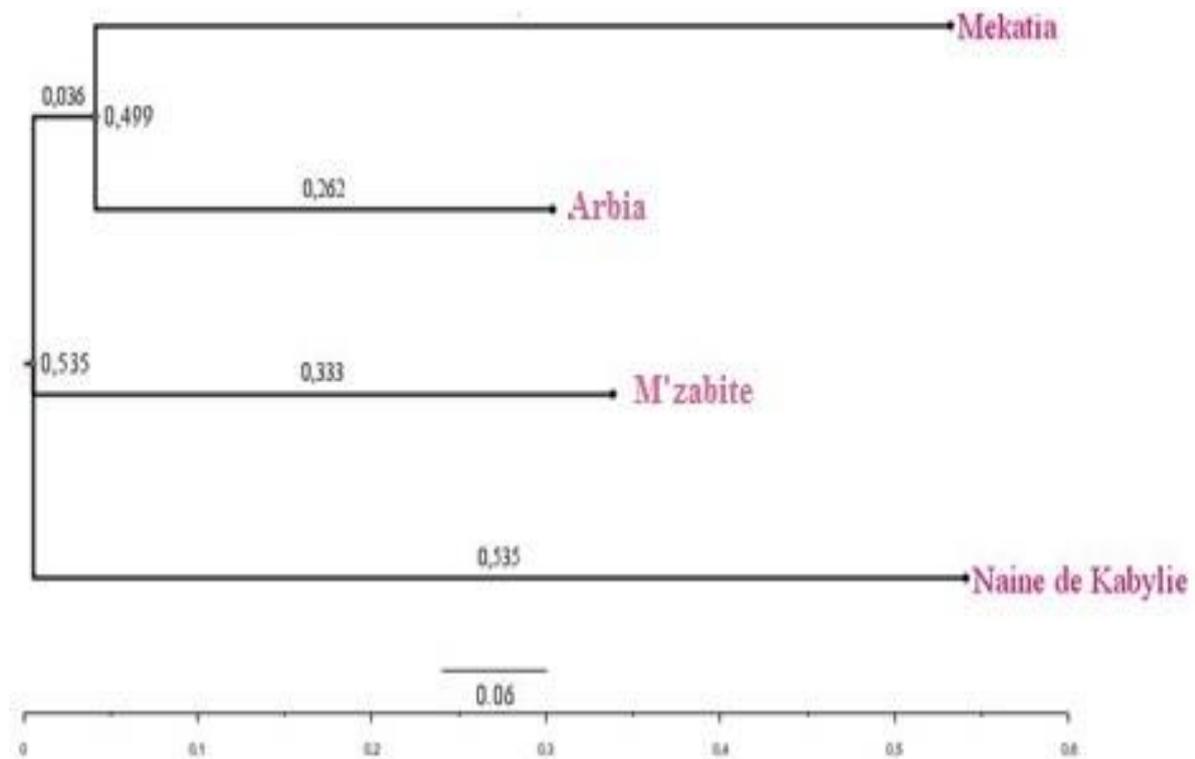


Figure 24 : Dendrogramme réalisé par la méthode NJ en fonction des distances génétiques minimales de Nei (méthode de rééchantillonnage bootstrap (1000 répliques)).

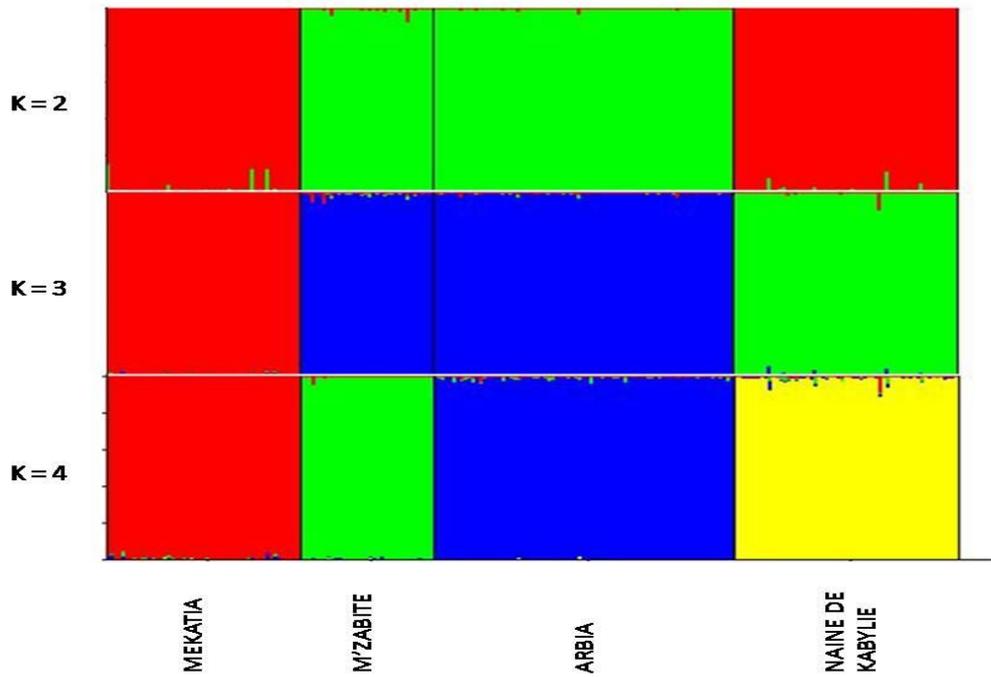


Figure 25 : Résultats de la structure génétique de la population étudiés obtenus par le logiciel « STRUCTURE »

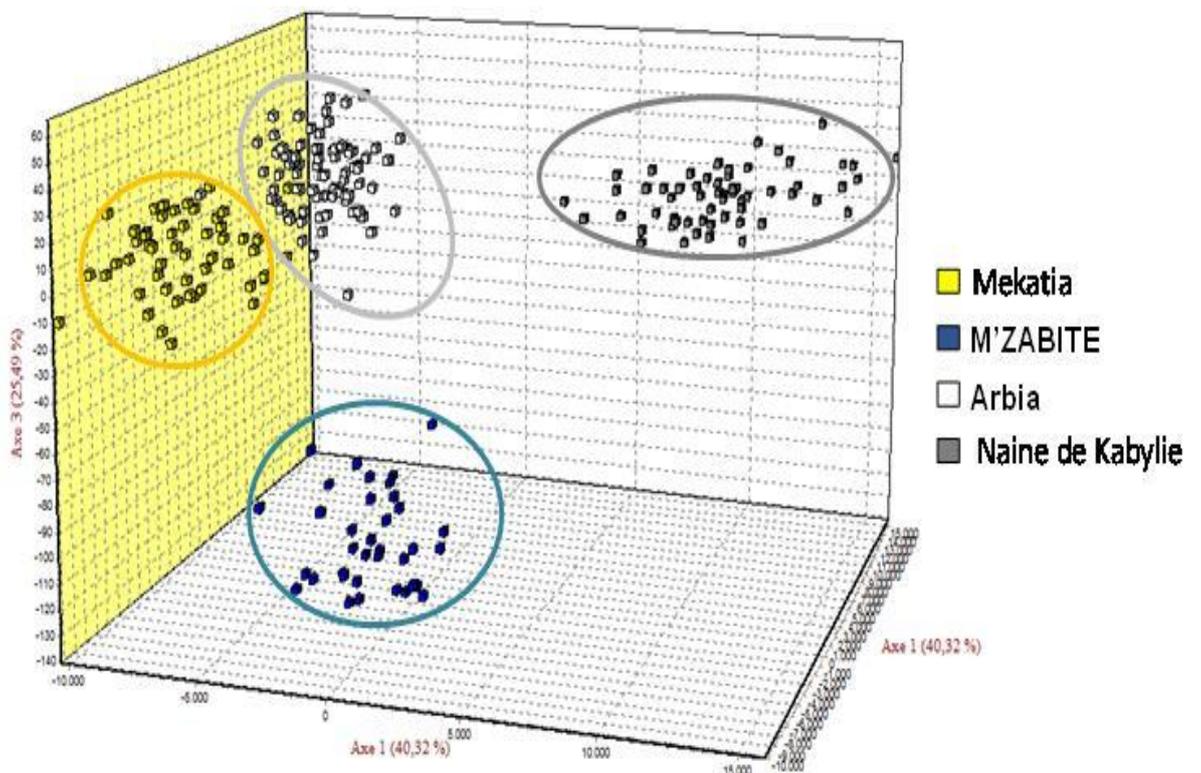


Figure 26 : Résultats de l'analyse de la correspondance factorielle (FCA)

Les axes du test AFC indiquent également que les races de chèvre Naine de kabylie et M'zabite sont séparés des autres races, alors que les races Mekatia et Arbia sont proches. Les 4 races de races caprines algériennes sont complètement séparées et n'ont montré aucun mélange génétique par ce test statistique. Le nombre de sous-populations (K) dans l'ensemble des échantillons de chèvres algériens analysés a été évalué par une approche bayésienne mise en œuvre par STRUCTURE.

Ces analyses ont été effectuées sans utiliser sans informations antérieures concernant les populations, en fixant des valeurs antérieures de  $K = 1$  à 4 et en comparant la probabilité de la donnée. Le tableau 20 montre les valeurs moyennes de  $\ln \Pr (X / K)$  après 20 itération de chaque valeur K.

Le nombre de clusters appropriés (K) dans l'analyse par le logiciel STRUCTURE Harvester, est rapporté par le tableau 20. La valeur  $\Delta K$  montre que le nombre de groupes le plus approprié est de 4 ( $K = 4$ ). Les résultats de l'analyse par le logiciel STRUCTURE Harvester contenant différents nombres de regroupement sont donnés par la figure 27.

Les résultats obtenus à partir de l'analyse de structure sont équivalentes au dendrogramme présenté au niveau de la figure 24.

Tableau 20 : Probabilités postérieures estimées [ $\ln \Pr (X | K)$ ] pour différents nombres de groupes (K) et  $\Delta K$  statistique.

<b>K</b>	<b>Reps</b>	<b>moyenne <math>\ln P(K)</math></b>	<b><math>\Delta K</math></b>
<b>1</b>	20	-23691.090000	—
<b>2</b>	20	-22372.010000	2.423786
<b>3</b>	20	-21216.265000	7.858534
<b>4</b>	20	-20514.870000	417.877410

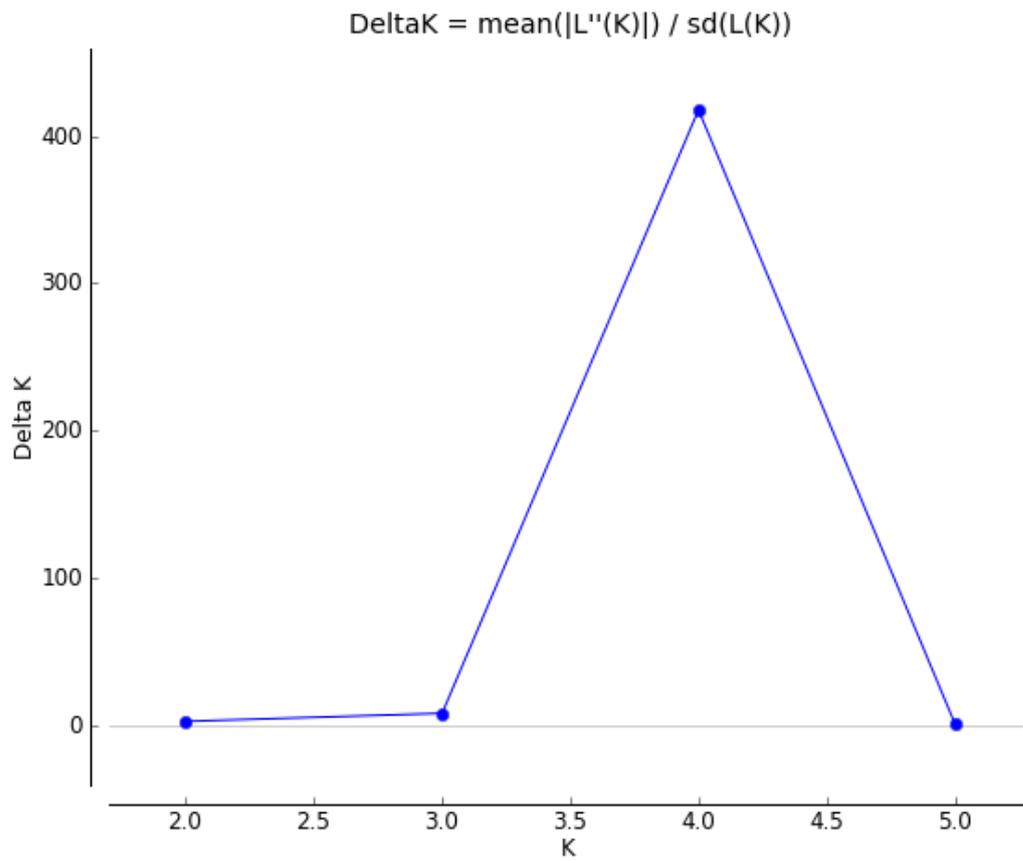


Figure 27 : Probabilités postérieures estimées  $[\ln \Pr (X | K)]$  pour différents nombres de groupes (K) et  $\Delta K$  statistique.

# **CONCLUSION GENERALE**

## **XI. Conclusion générale**

Les résultats de l'étude actuelle suggèrent que les races de chèvres locale algériennes ont une grande diversité génétique pour les dix-huit loci étudiés. Au total, 450 allèles ont été observés, le nombre moyen d'allèles (MNA) à pour les races étudiés varie de 12,94 pour la race M'zabite (MO) à 16,39 pour la race Arbia (AR).

Le nombre moyen d'allèles par locus est de 25, et le nombre moyen d'allèles efficace est de 16,73. Les valeurs PIC sont de 0,93 en moyenne. Les valeurs de  $F_{IS}$  se sont révélées être compris entre -0,061 et 0,1779 et la valeur du  $F_{IT}$  est comprise entre -0,039 et 0,219. Le  $F_{ST}$  le plus élevé est de 0,087, et le plus bas est de 0,018.

Les allèles privés observés dans les quatre races de chèvres est de 19 pour la race Mekatia (ME), et de 43 pour la race Naine de kabylie (NK) avec un total de 118 allèles privés. Cependant, seuls 6 allèles privés ont été observés pour la race (MO) avec une fréquence supérieure à 5%. Le nombre le plus élevé (17) d'allèles privés présent a plus de 5% parmi les races a été trouvé chez la race (AR).

L'ensemble des races a affiché une valeur  $F_{IS}$  positive, elle est de l'ordre de 0,023, 0,077, 0,082 et 0,085 respectivement pour les races NK, MO, AR et ME. La valeur moyenne d'hétérozygotie pour tous les loci étudiés est de 0,89 avec  $H_o$  (0,84) et  $H_e$  (0,94).

La distance génétique la plus faible (0,0533) est observée entre la race de chèvre M'zabite et la race de chèvre Arbia. La race de chèvre Naine de Kabylie a la distance génétique la plus importante par rapport aux autres races de chèvres. Les races Mekatia et Arbia sont regroupé lors de l'analyse au niveau du même groupe, tandis que la M'zabite et Naine de Kabylie se maintiennent chacune en tant que race dans un groupe distinct.

En résumé, nous concluons que les 4 races de chèvres indigènes algériennes étudiées sont classées en races distinctes avec un bon niveau de diversité génétique. En outre, ces données fournissent des informations importantes pour les programmes de conservation et pourraient être utilisées pour définir des stratégies de sélection.

# **PERSPECTIVES ET RECOMMANDATIONS**

## **XII. Perspectives et recommandations**

Les résultats obtenus à l'issue du travail réalisé, suggèrent un certain nombre de recommandations qui pourraient contribuer à moyen et long terme à la mise en place de schémas de sauvegarde de la variabilité génétique des races caprines locales. Ces recommandations portent sur :

- ❖ La sensibilisation pour la conservation et la gestion des ressources génétiques animales en définissant les priorités en matière de conservation ;
- ❖ La protection des races contre leur utilisation abusive et incontrôlée ;
- ❖ L'amélioration des méthodes de gestion des animaux d'élevage (identification des animaux, établissement des généalogies, ressources, etc) ;
- ❖ L'installation d'un comité sectoriel des ressources génétiques pour assurer l'amélioration de la gestion des ressources génétiques, la mise en place de plan de gestion, de programmes de sélection et de croisement afin de minimiser les risques de consanguinité et d'hybridation incontrôlée et ce notamment pour les races à faible effectif ;

De tels programmes doivent viser également les aspects de reproduction et de production intra races. Ainsi, des stratégies pourraient être envisagées afin de sélectionner parmi ces races caprines locales, celles qui présentent une meilleure aptitude à la traite dans le but de créer des noyaux pour les programmes de sélection génétique des races caprines laitières en Algérie. Dans ce sens, il s'agit d'œuvrer pour :

- La constitution et le renouvellement des troupeaux de races locales ;
  - La création de centres de production et multiplication de géniteurs pour la diffusion du progrès génétique en veillant à l'amélioration de la productivité, l'élimination des animaux pas ou peu performants et la mise à la reproduction d'animaux performants ;
  - La constitution de banques de semences animales et d'embryons ;
  - La labellisation des viandes, telle celle de la race Naine de Kabylie ;
  - La production et la valorisation des produits de terroir [production fromagère de type appellation d'origine contrôlée]
- ❖ Mise en place d'un réseau national recherche-développement-formation spécifique aux ressources génétiques animales (se réseaux commence a voir le jour grâce aux efforts du Dr. GAOUAR SBS et son équipe) en relation étroite avec les associations

## *Perspectives et recommandations*

d'éleveurs et les experts dans ce domaine. Un tel réseau se chargerait du consulting dans les aspects suivants :

- Inventaire de la biodiversité.
- Orientations en matière de conservation et d'amélioration génétique animale ;
- Continuité et renforcement des travaux entrepris ;
- Suggérer toutes actions nouvelles jugées nécessaires.
- Évaluer et valider les projets de recherche et développement relatifs aux ressources génétiques animales locales.

# **RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES**

**XIII. Références bibliographiques :**

- Agaoglu O.K., Ertugrul O., 2012. Assessment of genetic diversity, genetic relationship and bottleneck using microsatellites in some native Turkish goat breeds. *Small Ruminant Res.* 105, 53–60.
- Agha S.H., Pilla F., Galal S., Shaat I., D’Andrea M., Reale S., Abdelsalam A.Z.A., Li M.H., 2008. Genetic diversity in Egyptian and Italian goat breeds measured with microsatellite polymorphism. *J. Anim. Breed. Genet.* 125, 194-200.
- Ajmone–Marsan P., Valentini A., Cassandro M., Vecchiotti–Antaldi G., Bertoni G., et Kuiper M.T.R. 1997. AFLP markers for DNA fingerprinting in cattle. *Animal Genetics.* 28, 418–426.
- Al-Atiyat R.M., Aljumaah R.S., 2014. Genetic relatedness between Ardi, Black Bedouin and Damascus goat breeds. *Genet. Mol. Res.* 13 (2), 4654–4665.
- Al-Atiyat R.M., Mohsen M. Alobre, Riyadh Saleh Aljumaah, Mohamad A. Alshaikh, 2015. Microsatellite based genetic diversity and population structure of three Saudi goat breeds. *Small Ruminant Res.* 130, 90-94.
- Aljumaah R., Musthafa M., Al-Shaikh M., Badri O., Hussein M., 2012. Genetic diversity of Ardi goat based on microsatellite analysis. *Afr. J. Biotech.* 1, 16539-16545.
- Ameer A., Ata N., Benyoucef M.T., Djaout A., Azzi N., Yilmaz O., Cemal I., Gaouar S.B.S., 2017. New genetic identification and characterisation of 12 Algerian sheep breeds by microsatellite markers, *Italian. J. Anim. Sci.* 17 (1), 38–48. <http://dx.doi.org/10.1080/1828051X.2017.1335182>.
- Amie Marini A.B., Hifzan R.M., Tan S.G., Panandam J.M., 2014. Assessment of genetic diversity on goat breeds in Malasia using microsatellite markers. *Mal. J. Anim. Sci.* 17, 19–26.
- Araújo A.M., Guimarães S.E.F., Machado T.M.M., Lopes P.S., Pereira C.S., Silva F.L.R., Rodrigues M.T., Columbiano V.S., Fonseca C.G., 2006. Genetic diversity between herds of Alpine and Saanen dairy goats and the naturalized Brazilian Moxotó breed. *Genet. Mol. Biol.* 29, 67–74, <http://dx.doi.org/10.1590/s1415-47572006000100014>.
- Babo D., 2000, *Races ovines et caprines françaises*. Ed. France Agricole, 1ère édition, pp : 249-302.

## *Références bibliographiques*

- Barker J.S.F., 1994. A global protocol for determining genetic distance among domestic livestock breeds. In: Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, vol. 21, pp. 501–508.
- Barker J.S.F., Tan S.G., Moore S.S., Mukherjee T.K., Matheson J.L., Selvaraj O.S., 2001. Genetic variation within and relationships among populations of Asian goats (*Capra hircus*). *J. Anim. Breed. Genet.* 118, 213–233, <http://dx.doi.org/10.1046/j.1439-0388.2001.00296.x>.
- Baumung R., Simianer H. et Hoffmann I. 2004. Genetic diversity studies in farm animals a survey. *J Anim Breed Genet.*121, 361–373.
- Beckman J.S., Weber J.L. 1992. Survey of human and rat microsatellites. *Genomics*, 12, 627–631.
- Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N. et Bonhomme F. 2002. GENETIX, Version 4.03 logiciel sous Windows TM pour la Génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interaction CNRS UMR5000. Université Montpellier II, Montpellier, France.
- Belkhir K., Borsa P., Goudet J., Chikhi L., Bonhomme F., 2001. GENETIX: logiciel sous WindowsTM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome et Populations, CNRS UPR 9060, Université Montpellier II, France.
- Benaïssa M.E., 2008, contribution à l'étude des performances zootechniques de deux populations caprines locales (Arbia et Cherkia) dans la région des oasis est Algérien. Magister en Sciences Vétérinaires, ENV. Alger, 119p.
- Benzécri J.P. 1973. Théorie de l'information et classification d'après un tableau de contingence. *L'Analyse des données*, tome 1, Ed. Dunod, Paris.
- Berber N., Gaouar S.B.S., Leroy G., Kdidi S., Tabet Aouel N., Saïdi Mehtar N., 2014. Molecular characterization and differentiation of five horse breeds raised in Algeria using polymorphic microsatellite markers. *J. Anim. Breed. Genet.* 1–8. doi : 10.1111/jbg.12092.
- Bernardo M.N., Cristòfol P, Ernesto A. Gómez, Bernat P., María L.R., Concepción C., Elena G et Eduardo B., 2013. Quantitative estimation of the impact of caprine arthritis encephalitis virus infection on milk production by dairy goats. *The Veterinary Journal*, Vol. 197, pp : 311–317.
- Bey D. et Laloui S., 2005. Les teneurs en cuivre dans les piols et l'alimentation des chèvres dans la région d'El-Kantra (Biskra).Thèse. Doc.Vét., Batna, 60p.

## *Références bibliographiques*

- Bishop M. D., S. M. Kappes, J. W. Keele, R. T. Stone, S. L. F. Sunden, G. A. Hawkins, S. Solinas Toldo, R. Fries, M. D. Grosz, Yoo Jakyong and C. W. Beattie. 1994. A genetic linkage map for cattl. *Genetics*. 136. 619-639.
- Black W.,1993. PCR with arbitrary primers: approach with care. *Insect Molecular Biology*, 2, 1–6.
- Boichard D., Le Roy P., Levéziel H. et Elsen J.M. 1998. Utilisation des marqueurs moléculaires en génétique animale. *INRA Prod. Anim.*, 11(1), 67-80.
- Bosman L., Van Marle-Köster E., Visser C., 2015. Genetic diversity of South African dairy goats for genetic management and improvement, *Small Ruminant Research*. 123, 224–231
- Bostein D., White R.L., Skolnick M. et Davis R. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *American Journal of Human Genetics*. 32, 314–331.
- Bowling A. T., Del Valle A., Bowling M. 2000. A pedigree–based study of mitochondrial D–loop DNA sequence variation among Arabian horses. *Anim. Genet*. 31, 1–7.
- Brown W. M., E.M. Partager A. Wang and A. C. Wilson.1982. Mitochondrial DNA sequences of primates: Tempo and evolution. *Journal of Molecular Evolution*. 18. 225-239.
- Brown W. M., George M. et Wilson A. C.1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the national Academy of Sciences USA*, 76, 1967-1971.
- Bruford M.W., Wayne R. K. 1993. Microsatellites and their application to population genetic studies current opinion in *Genetics and Development*. *Molecular Biology and Evolution*. 3, 939 –943.
- Buchanan F.C. and Crawford A.M. 1993. Ovine microsatellites at the OarFCB11. OarFCBA128. OarFCB193, OarFCB266 and OarFCB304 loci. *Animal Genetics* 24: 145.
- Bulut Z., Kurar E., Ozsensoy Y., Altunok V., Nizamlioglu M., 2016. Genetic diversity of eight domestic goat populations raised in Turkey. *BioMed Res. Int.* 2016, <http://dx.doi.org/10.1155/2016/2830394>, article ID 2830394.

## *Références bibliographiques*

- Canon J., Garcia D., Garcia-Atance M.A., Obexer-Ruff G., Lenstra J.A., Ajmone-Marsan P., Dunner S., 2006. Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. *Anim. Genet.* 37 (4), 327–334.
- Caggène, 2007. Résultats de Contrôle Laitier – espèce caprine. Institut de l’Elevage – FCL, France, 1p.
- CEMAL İbrahim, Onur YILMAZ, Orhan KARACA, Pelin BİNBAŞ, Nezih ATA, 2013. Analysis of Genetic Diversity in Indigenous Çine Çaparı Sheep under Conservation by Microsatellite Markers. *Kafkas Univ Vet Fak Derg.* 19 (3): 383-390, DOI: 10.9775/kvfd.2012.7857
- Chambers G. K. et MacAvoy E. S. 2000. Microsatellites: consensus and controversy. *Comparative Biochemistry and Physiology, Part B*, 126, 455-476.
- Charlet P., Le jeuven J.C., 1977. Les populations caprines du Bassin méditerranéen : Aptitudes et évolution. *Options Méditerranéennes, Ressources*, N°35, pp : 44-45.
- Chellig R., 1978. La production animale de la steppe. Congrès sur le nomadisme en Afrique 6-10février, Addis-Abbéda.
- Cherifi Y.A., Gaouar S.B.S., Guastamacchia R., El-Bahrawy K.A., Abushady A.M.A., Sharaf A.A., *et al.*, 2017. Weak Genetic Structure in Northern African Dromedary Camels Reflects Their Unique Evolutionary History. *PLoS ONE* 12(1): e0168672. doi:10.1371/journal.pone.0168672
- Cherifi Y.A., Gaouar S.B.S., Moussi N., Tabet Aoul N., Saïdi-Mehtar N., 2013. Study of Camelina Biodiversity in Southwestern of Algeria. *Journal of life science*, 7 (4), 416-427.
- Cooper D. N., Krawczak M. et Antonorakis S. E. 1995. The nature and mechanisms of human gene mutation, metabolic and molecular bases of inherited disease, 7th ed. McGraw–Hill, New–York, 259–261.
- Corcy J.C., 1991. La chèvre, Ed: La maison rustique, 255p.
- Criscione Andrea, Salvatore Bordonaro, Valentina Moltisanti, Donata Marletta, 2016. Differentiation of South Italian goat breeds in the focus of biodiversity conservation. *Small Ruminant Res.* 145, 12–19.
- Crow JF. Kimura M, 1970. An introduction to population genetics theory. Harper et Row, New-York.
- Da Rocha Laura Leandro, Edgard Cavalcanti Pimenta Filho, Manoel Adrião Gomes Filho, Juan Vicente Delgado, Amparo Martínez Martínez, Maria Norma Ribeiro, 2016.

## *Références bibliographiques*

- Impact of foreign goat breeds on the genetic structure of Brazilian indigenous goats and consequences to intra-breed genetic diversity. *Small Ruminant Res.*134, 28–33
- Decaen C. et Turpault J., 1969. Essai d'implantation d'un troupeau de chèvres de race Alpine en MITIZA.INRAA.MARA.
  - Dekkiche Y., 1987. Etude des paramètres zootechniques d'une race caprine améliorée (Alpine) et deux populations locales (Makatia, Arabia) en élevage intensif dans une zone steppique (Laghouat).Thèse. Ing. Agro. INA. El Harrach, Alger, 120 p.
  - Délacrétaç–Wolff A.S. 1997. Étude génétique et sérologique des systèmes de groupes sanguins du mouton. Thèse de Doctorat, L'Ecole Polytechnique Fédérale de Zurich.
  - Dietrich W., H. Katz, S. E. Lincoln, H.E. Shi J. Friedman N. Dracopoli and E. Lander.1992. A Genetic map of the mouse suitable for typing intraspecific crosses. *Genetics.* 131. 423-447.
  - Diffloth P., 1926. Mouton, chèvre, porc, Zootechnie, Encyclopédie Agricole. Ed. Baillière, Paris, 418 P.
  - Dixit S.P., Verma N.K., Aggarwal R.A.K., Vyas M.K., Rana J., Sharma A. and Chander. R. 2011. Genetic variability and bottleneck analyses of kanniadu goat breed based on microsatellite markers. *Indian J. Anim. Sci.*, 81(1): 43-48.
  - Dixit S.P., Verma N.K., AggarwalR.A.K., Vyas M.K., Rana J., Sharma A., 2012. Genetic diversity and relationship among Indian goat breeds based on microsatellite markers. *Small Ruminant Res.* 105, 38–45.
  - Dixit S.P., Verma N.K., Aggarwal R.A.K., Vyas M.K., Rana J., Sharma A., Tyagi P., Arya P., Ulmek B.R., 2010. Genetic diversity and relationship among Southern Indian goat breeds based on microsatellite markers. *Small Ruminant Res.* 91, 153–159.
  - Djaout A., Afri-Bouzebda F., Chekal F., El-Bouyahiaoui R., Rabhi A., Boubekour A., Ameer Ameer A., Gaouar S.B.S., 2017. Etat de la biodiversité des «races» ovines algériennes. *Genet. Biodivers. (GABJ)* 1, 1–16. <http://ojs.univ-tlemcen.dz/index.php/GABJ/article/view/204>.
  - Du Xiao-Yong, Cao, Jianhua Xu, Han, Hao, Huai-zhi Yu, Mei, Zhang Gui-Xiang, Zhao, Shu-hong, 2016.Genetic diversity and population structure among eight Chinese indigenous goat breeds in the Yellow River valley. *Small Ruminant Research* <http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2016.12.034>
  - Earl DA, von Holdt BM, 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method.

## *Références bibliographiques*

Conservation Genetics Resources vol. 4 (2) pp. 359-361. doi: 10.1007/s12686-011-9548-7

- Elbeltagy A.R., Aboul-Naga A.M., Hassen H., Solouma G.M., Rischkowsky B., Mwacharo J.M., 2015. Genetic diversity and structure of goats within an early livestock dispersal area in Eastern North Africa. *Afr. J. Biotechnol.* 15, 431-441, <http://dx.doi.org/10.5897/AJB2015.14891>.
- Elbeltagy A.R., Aboul-Naga A.M., Hassen H., Solouma G.M., Rischkowsky B., Mwacharo J.M., 2016. Genetic diversity and structure of goats within an early livestock dispersal area in Eastern North Africa. *Afr. J. Biotechnol.* 15, 431–441.
- Evanno G., Regnaut S., Goudet. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol Ecol*, 14: 2611–2620.
- F.A.O., 2000, Base de données sur les ressources génétiques mondiales, F.A.O., pp : 91-99.
- Falush D., Stephens M., Pritchard J.K., 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 164:1567–1587.
- Falush D., Stephens M., Pritchard J.K., 2007. Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Mol. Ecol. Notes*, 7: 574–578.
- Fantazi K., 2004, Contribution à l'étude du polymorphisme génétique des caprins d'Algérie. Cas de la vallée d'Oued Righ (Touggourt). Thèse de Magister, I.N.A. Alger, 145p.
- FAO STAT, 2018, Statistiques (en ligne). [www.fao.org](http://www.fao.org) . Consulté le 07/02/2018 à 18:30.
- FAO, 2004. Measurement of domestic animal diversity – a review of recent diversity studies. Commission on Genetic resources for Food and Agriculture – Working group on animal genetic resources for food and agriculture, 3ème session, Rome, 31 mars-2 avril 2004, 38p.
- FAO, 2011. Molecular Genetic Characterization of Animal Genetic Resources. Rome, Italy: Food and Agricultural Organization of the United Nations; 2011.
- FAO. 2008. L'état des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde, édité par Barbara Rischkowsky et Dafydd Pilling. Rome. Page 3888.

## *Références bibliographiques*

- FAO. 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. No.9. Rome (disponible à l'adresse Internet <http://www.fao.org/docrep/014/i2413e/i2413e00.htm>).
- FAO.1992.The management of global animal genetic resources. Proceedings of an Expert Consultation, Rome, Italy. Animal Production and Health, No.104.
- FAO/PNUE. 2000. Liste mondiale d'alerte pour la diversité des animaux domestique, 3ème édition édité par B.D. Scherf. Rome.
- Feliachi K, Kerboua M, Abdelfettah M, Ouakli K, Selhab F, Boudjakdji A, Takoucht A, Benani Z, Zemour A, Belhadj N, Rahmani M, Khecha A, Haba A, Ghenim H, 2003. Commission Nationale AnGR : Rapport National sur les Ressources Génétiques Animales : Algérie, Point focal algérien pour les ressources génétiques, Direction Générale de l'INRAA.
- Felsenstein J, 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39, 783-791.
- Frankham R., Ballou J.D., Briscoe D.A., 2002. *An Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- French M.H., 1971, Observation sur la chèvre. *Etudes agricoles*, Ed. F.A.O, n 80, Rome, pp : 19-91.
- Gaouar SBS, 2002. Contribution à l'étude moléculaire de la variabilité e génétique : caractérisation de deux races ovines algériennes [Thèse de Magister], Université des sciences et de technologie d'Oran (USTO).
- Gaouar SBS, 2009. Etude de la biodiversité : Analyse de la variabilité génétique des races ovines algériennes et de leurs relations phylogénétiques par l'utilisation des microsatellites, Thèse de Doctorat, Université des sciences et de technologie d'Oran (USTO).
- Gaouar S.B.S, Kdidi S., Tabet Aouel N., Ait-Yahia R., Boushaba N., Aouissat M., Saidi-Mehtar N., 2015a. Investigation of genetic relationships among Hamra and Beni-Ighil sheep breeds based on microsatellite markers. *WJAS* ID 1427278602. Volume: 7
- Gaouar S.B.S., Da Silva A., Ciani E., Kdidi S., Aouissat M., Dhimi L., Mohamed Lafri M., Maftah A., Mehtar N., 2015b. Admixture and local breed marginalization threaten Algerian sheep diversity. *PLoS One* 10, e0122667

## *Références bibliographiques*

- Gaouar S.B.S., Kdidi S., Tabet Aouel N., Aït-Yahia R., Boushaba N., Aouissat M., Dhimi L., Yahyaoui M.H., Saidi-Mehtar N., 2014. Genetic admixture of North-African ovine breeds as revealed by microsatellite loci. *Livestock Research for Rural Development*. 26 (7).
- Gaouar S.B.S., Lafri M., Djaout A., El-Bouyahiaoui R., Bouri A., Bouchatal A., Maftah A., Ciani E., Da Silva A., 2016. Genome-wide analysis highlights genetic dilution in Algerian sheep. *Heredity*, 1-9.
- Gaouar S.B.S., Tabet-Aoul N., Derrar A., Goudarzy-Moazami K., Saïdi-Mehtar N., 2005. Genetic diversity in Algerian sheep breeds, using microsatellite markers, in Kluwer, Academic, and Gerrit, J. Viljoen (Eds.), *Applications of Gene-based Technologies for Improving Animal Production and Health in Developing Countries*. Published by Springer, Netherlands, pp. 641-644
- Gaouar S.B.S., Tabet-Aoul N., Khaïb dit Naïb O., Hamouda L., Boushaba N., Brahami N., Aouissat M., Dhimi L., Saïdi-Mehtar N., 2011. Genetic variability and phylogenetic relationships of ovine Algerian breeds using microsatellites. *New trends for innovation in the Mediterranean animal production*, EAAP publication. 129, 52-54.
- Geoffroy St H., 1919, *L'élevage dans l'Afrique du Nord: Algérie-Maroc-Tunisie*, Ed. Challamel, Paris, 530p.
- Georges M., A. S. Lequarre, M. Castelli, R. Hanset and G. Vassart. 1988. DNA fingerprinting in domestic animals using four different minisatellite probes. *Cytogenetics and Cell Genetics*. 47. 127-131.
- Gilbert T., 2002. *L'élevage des chèvres*. Editions de Vecchi S.A., Paris, 159p.
- Glowatzki-Mullis M.L., Muntwyler J., Baumle E., Gaillard C., 2008. Genetic diversity measures of Swiss goat breeds as decision-making support for conservation policy. *Small Ruminant Res.* 74, 202–211.
- Goudet J., 2001. *FSTAT (Version 2.9.3). A Program to Estimate and Test Gene Diversities and Fixation Indices*. Lausanne, Switzerland: University of Lausanne.
- Grosclaude F. (1988) *Le polymorphisme génétique des principales lactoprotéines bovines*. *INRA Productions animales*. 1. 5-17
- Guelmaoui S., Abderahmani H., 1995. *Contribution à la connaissance des races caprines algériennes (cas de la race M'ZAB)*. Thèse. Ing. Agro.INA.El Harrach, Alger.
- Guessas H.M. et Semar S., 1998. *Réflexion sur la mise en place d'un centre géniteur caprin dans la région de Ghardaia*. Thèse. Ing. Agro.INA.El Harrach, Alger.

## *Références bibliographiques*

- Hafid N., 2006. L'influence de l'âge, de la saison et de l'état physiologique des caprins sur certains paramètres sanguins. Mémoire de Magistère en Sciences vétérinaires, Univ de Batna, 101p.
- Hanotte O., M. W. Brufford and T. Burke. 1992. Multilocus DNA fingerprints in gallinaceous birds: general approach and problems. *Heredity*.68. 481-494.
- Harek D, Berber N., Cherifi Y.A., Yakhlef H., Bouhadad R., Arbouche F., Sahel H., Djellout N.E., Saidi-Mehtar N., Gaouar S.B.S., 2015. Genetic diversity and relationships in saharan local breeds of *Camelus dromedarius* as inferred by microsatellite markers. *Journal of Camel Practice and Research* DOI:10.5958/2277-8934.2015.00001.6.
- Hartl DL, 1988. Génétique des populations. Médecine-Science Flammarion, Paris : p.305
- Hedrick, P.W., 2000. *Genetics of Population*. Jones and Bartlett, Sudbury, Mass.34-47.
- Hellal F., 1986. Contribution à la connaissance des races caprines Algériennes : Etude de l'élevage caprin en système d'élevage extensif dans les différentes zones de l'Algérie du nord. Thèse d'ingénieur d'état en agronomie, INA., El-Harrach, Alger, 78p.
- Hill E. W., Bradley D. G., Al-Barody M., Ertugol O., Splan R.K., Zakharov I et Cunningham E. P. 2002. History and integrity of thoroughbred dam lines revealed in equine mtDNA variation. *Anim. Genet.* 33, 287–294.
- Holl H., Isaza R., Mohamoud Y., Ahmed A., Almathen F., Cherifi Y., Gaouar S.B.S., Douglas F., Brooks A.S., 2017. A frameshift mutation in *kit* is associated with white spotting in the Arabian camel. *Genes*, 8, 102; doi: 10.3390/genes 8030102 <http://www.mdpi.com/2073-4425/8/3/102/pdf>
- Holmes Pegler H.S., 1966. *The book of goat*. Ninth edition, the bazaar, Exchange and Mart, LTD, 255p.
- Huart du Plessis., 1919. *La chèvre: Races, élevage, produits*. Ed. Librairie Agricole de la maison rustique, Paris, 150p.
- Hubisz M.J., Falush D., Stephens M., Pritchard J.K., 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Mol. Ecol. Resour.* 9:1322–1332.

## *Références bibliographiques*

- Iamartino D., Bruzzone A., Lanza A., Blasi M., Pilla F., 2005. Genetic diversity of Southern Italian goat populations assessed by microsatellite markers. *Small Ruminant Res.* 57, 249–255.
- Institut de l'élevage, 2007. Les races caprines sélectionnées en France- La race Alpine française. France, 1p.
- Jeffrey A.J., Wilson V. et Thein SL. 1985. Hypervariable « Minisatellite » regions in human DNA. *Nature*, 314, 67-73.
- Joly D. 2005. analyse de la diversité génomique des populations de *Cronartium ribicola*, agent responsable de la rouille vésiculeuse du pin blanc. Faculté des études supérieures, Université Laval. 7, 298.
- Kaplan J.C. et Delpech M. 1998. Biologie moléculaire et médecine (2ème Edition). Flammarion Médecines-Sciences, Paris.
- Kavarr T., Brem G., Habe F., Sölkner J. et Dovc P. 2002. History of Lipizzan horse maternal lines as revealed by mtDNA analysis. *Genet.* 34, 635–648.
- Kerba A., 1995. Base des données sur les races caprines en Algérie base de données FAO, ed fao pp19-39.
- Kerkhouche K., 1979. Etude des possibilités de mise en place d'une chèvrerie à vocation fromagère dans la région de draa ben khedda éléments de réflexion sur un projet d'unité caprine. Thèse Ing. Agr. INA El-Harrach, Alger, 72p.
- Khelifi Y., 1999. Les productions ovines et caprines dans les zones steppiques algériennes. Séminaires Méditerranéens Série A, Systems of sheep and goat production: Organization of husbandry and role of extension services, n° 38, Zaragoza, CIHEAM, pp : 245-247.
- Kim K.S., Yeo J.S., Lee J.W., Kim J.W., Choi C.B., 2002. Genetic diversity of goats from Korea and China using microsatellite analysis. *Asian Aust. J. Anim. Sci.* 15, 461–465.
- Klunghand H., Vage D. I., Gomez–Raya L., Adalsteinsson S. et Lien S. (1995) The role of melanocyte stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination. *Mammalian Genome.* 6, 636–639.
- Kumar S., Dixit S.P., Verma N.K., Singh D.K., Pande A., Kumar S., Chander R., Singh L.B., 2009. Genetic diversity analysis of the Gohilwari breed of Indian goat (*Capra hircus*) using microsatellite markers. *Am. J. Anim. Vet. Sci.* 4 (3), 49–57.

## *Références bibliographiques*

- Lagziel A., DeNise S., Hanotte O., Dhara S., Glazko V., Broadhead A., Davoli R., Russo V. et Soller M. 2000. Geographic and breed distribution of an Msp I PCR–RFLP in bovine growth. *Mammalian Genome*. 5, 536–539.
- Laliberté HY, 1998. Caractérisation de la variabilité et des distances génétiques des bovins de race canadienne, suisse-brune et Holstein à l'aide du polymorphisme des caséines et de marqueurs microsatellites. Mémoire de maîtrise en science biologiques. Université de Sherbrooke, Québec, Canada, 74 P.
- Langella O, 1999. Populations 1.2.32. Available via <http://bioinformatics.org/tryphon/populations/> Acces date: 09.07.2015.
- Lee M. A., Keane O. M., Glass B. C., Manley T. R., Cullen N. G., Dodds K. G., McCulloch A. F., Morris C. A., Schreiber M., Warren J., Zadissa A., Wilson T. et Mcewan J.C. 2006. Establishment of a pipeline to analyse non–synonymous SNPs in *Bos Taurus*. *BMC. Genomics*. 7, 298.
- Leroy G, 2008. Genetic diversity and breed management in dogs, Ph,D Thesis, AgroParisTech, p:210.
- Levinson G. et Gutman G. A. 1987. Evidence for two independent domestications of cattle. *Proceedings. Molecular Biology and Evolution*. 4, 203–221.
- Li M.H., Zhao S.H., Bian C., Wang H.S., Wei H., Liu B., Yu M., Fan B., Chen S.L., Zhu M.J., Li S.J., Xiong T.A., Li K., 2002. Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite analysis. *Genet. Select. Evol.* 34, 729–744.
- Ligda C., Altarayah J., Georgoudis A., 2009. Genetic analysis of Greek sheep breeds using microsatellite markers for setting conservation priorities. *Small Rumin. Res.* 83, 42–48.
- Litt M. and J. A. Luty.1989A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *American Journal of Human Genetics*. 44. 397-401.
- Luikart G., Biju-Duval M.P., Ertugrul O., Zagdsuren Y., Maudet C., Taberlet P., 1999. Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage analysis in goats (*Capra hircus*). *Anim. Genet.* 30 (6), 431–438.
- Madani T., 2000. L'élevage caprin dans le nord est de l'Algérie. Ed. Gruner L et Chabert Y, INRA et Institut de l'élevage Pub, Tours 2000, Acte de la 7ème Conférence Internationale sur les caprins, Tours, France, pp : 351-353.

## *Références bibliographiques*

- Madani T., Yakhlef H., Abbache N., 2003. Evaluation des besoins en matière de renforcement des capacités nécessaires à la conservation et l'utilisation durable de la biodiversité importante pour l'agriculture en Algérie, Les races bovines, ovines, caprines et camelines. Alger 22-23/01/2003. Recueil des Communications Atelier N°3 «Biodiversité Importante pour l'Agriculture» MATE-GEF/PNUD Projet ALG/97/G31, pp : 44-51.
- Mahammi F.Z., Gaouar S.B.S., Laloë D., Fougeras R., Tabet-Aoul N., Rognon X., Tixier-Boichard M., Saïdi-Mehtar N., 2015. A molecular analysis of the patterns of genetic diversity in local chickens from Western Algeria in comparison with commercial lines and wild jungle fowls. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, doi : 10.1111/jbg.12151.
- Mahammi F.Z., Gaouar S.B.S., Tabet-Aoul N., Tixier-Boichard M., Saïdi-Mehtar N., 2014. Caractéristiques morpho-biométriques et systèmes d'élevage des poules locales en Algérie occidentale (Oranie). *Cah Agric* 23,1-11. doi : 10.1684/agr.2014.0722.
- Mahmoudi B., Panahi B., Mohammadi S.A., Daliri M., Babayev M.S., 2014. Microsatellite based phylogeny and bottleneck studies of Iranian indigenous goat populations. *Anim. Biotechnol.* 25, 210-222.
- Maudet C. 2001. Diversité et caractérisation génétique des races bovines et caprines originaires de la région Rhône–Alpes. Thèse Doctorat. Biologie, Labo. Bio. De Grenoble. 275–305.
- Mekuriaw G., Gizaw S., Dessie T., Mwai O., Djikeng A., Tesfaye K., 2016. A review on current knowledge of genetic diversity of domestic goats (*Capra hircus*) identified by microsatellite loci: how those efforts are strong to support the breeding programs? *J. Life Sci. Biomed.* 6, 22–32.
- Miller S.A., Dykes D.D., Polesky H.F., 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res.* 16, 1215.
- Missohou A., Poutya M.R., Nenonene A., Dayo G.K., Ayssiwede S.B., Talaki E., Issa Y., Fane A., 2011. Genetic diversity and differentiation in nine West African local goat breeds assessed via microsatellite polymorphism. *Small Ruminant Res.* 99, 20–24.
- Ministère de L'Agriculture et du Développement Rural et de la pêche (MADRP), 2011.Statistiques.

## *Références bibliographiques*

- Moazami-Goudarzi K., Laloe D., Furet J. P., et Grosclaude F. 1997. Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Animal Genetics*, 28 : 338-345.
- Moustari A., 2008. Identification des races caprines des zones arides en Algérie. *Revue des régions arides*, n°21, 5p.
- Moxon E.R. and Wills C. 1999. DNA microsatellites: Agents of Evolution? *Scientific American*. January 72-77
- Mullis L.B et Faloona F.A. 1985. Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase catalysed chain reaction. *Methods Enzymol*, 155, 335-350.
- Murital I., Afolayan O., Bemji M.N., Dadi O., Landi V., Martinez A., Delgado J.V., Adebambo O.A., Aina A.B.J., Adebambo A.O., 2015. Genetic diversity and population structure of Nigerian indigenous goat using DNA microsatellite markers. *Arch. Zootec.* 64, 93–98.
- Nedjraoui, D., 2006. Algeria Country Pasture/Forage Resource Profiles. FAO, Rome, Italy.
- Nakamura Y., M. Leppert P. O'Connell R. Wolff T. Holm M. Culver C. Martin E. Fujimoto M. Hoff E. Kumlin and R. White.1987. Variable number of tandem repeat (VNTR) markers for human gene mapping. *Science*. 235. 1616-1622.
- Nei M, 1973. Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 70(12 Pt 1-2), 3321–3323.
- Nei M, 1978. Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from a Small Number of Individuals. *Genetics*, 89(3), 583–590.
- Nei M, Roychoudhury AK, 1974. Sampling Variances of Heterozygosity and Genetic Distance. *Genetics*, 76(2), 379–390.
- Nei M., 1972. Genetic distance between populations. *Am. Nat*, 106: 283–292.
- Ollivier L., Chevalet C. et Fouley J.L. 2000. Utilisation des marqueurs pour la caractérisation des ressources génétiques. *INRA Prod. Anim.*12 , 247–252.
- Ouragh L., Meriaux J.C., Braun J.P. 1994. Genetic blood markers in Arabian, Barb and Arab–Barb horses in Morocco. *Animal Genetics*. 25, 45–47.
- Parejo J.C., Padilla J.A., Calero R., Martínez-Trancón M., Sansinforiano E., Rabasco A., Salazar J., Bravo J.A., 2015. Population genetic structure and conservation management of Retinta Extremena goats. *Small Ruminant Research*.124, 9–16.

## *Références bibliographiques*

- Parker HG, Kim LV, Sutter NB, Carlson S, Lorentzen TD, Malek TB, Johnson GS, DeFrance HB, Ostrander EA, Kruglyak L, 2004. Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science*. 304, 1160–1164.
- Peakall R., Smouse P.E., 2006. GENALEX 6: Genetic Analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Notes*, 6: 288–295.
- Peakall R., Smouse P.E., 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research an update. *Bioinformatics* 28: 2537-2539
- Pedro 1952. L'élevage en basse Kabylie. *Rev. élevage et cult en Afrique du Nord*, P17.
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155:945–959.
- Quittet E., 1977. La chèvre, Guide de l'éleveur. Ed. La maison rustique, Paris, pp : 18-20.
- Radhika G., Raghavan K.C., Aravindakshan T.V, Thirupathy V., 2015. Genetic diversity and population structure analysis of native and crossbred goat genetic groups of Kerala, India. *Small Ruminant Res.*131, 50–57.
- Rambout A., 2006. FigTree 1.4.2. Available via <http://tree.bio.ed.ac.uk/> Acces date: 09.07.2015
- Ribeiro M.N., Bruno-de-Sousa C., Martínez A.M., Ginja C., Menezes M.P., Pimenta-Filho E.C., Delgado J.V., Gama L.T., 2012. Drift across the Atlantic: genetic differentiation and population structure in Brazilian and Portuguese native goat breeds. *J. Anim. Breed. Genet.* 129, 79–87, <http://dx.doi.org/10.1111/j.1439-0388.2011.00942.x>.
- Rognon X., Verrier E. 2007. Caractérisation et gestion des ressources génétiques. Les outils et méthodes de la génétique pour la caractérisation, le suivi et la gestion de la variabilité génétique des populations animales. UMR INRA/AgroParisTech « Génétique et Diversité Animales », Rabat.
- Rohrer G.A., L. Ader J. W. Keele T.P. Smith and C.W. Beattie. 1994. A microsatellite linkage map of the porcine genome. *Genetics*. 136. 231-245.
- Sadeler ., 1949. Essai de croisement de la chèvre d'Algérie avec la race des Alpes. *Revue : Elevage et cult en Afrique du Nord*, n°5, pp : 127-140.
- Saitou N, Nei M, 1987. The Neighbor-Joining Method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4, 406-425

## *Références bibliographiques*

- Schibler L. 1998. Cartographie intégrée et comparée du génome de la chèvre. Application au clonage positionnel chez les ruminants : exemple du gène caprin d'intersexualité et d'absence de cornes (PIS). Thèse Doctorat. Université Paris XI Orsay.
- Sebaa A., 1992. Le profilage génétique visible de la chèvre de la région de Laghouat. Thèse Ing. Etat. Inst. Agro, Blida, 48p.
- Sechi T., Usai M.G., Miari S., Mura L., Casu S., Carta A., 2007. Identifying native animals in crossbred populations: the case of the Sardinian goat population .Anim. Genet. 38, 614–620.
- Seilsuth S., Seo J.H., Kong H.S., Jeon G.J., 2016. Microsatellite analysis of the genetic diversity and population structure in dairy goats in Thailand. Asian Australasian Journal of Animal Sciences, 29, 327-332.
- Serrano M., Calvo J.H., Martinez M., Marcos-Carcavilla A., Cuevas J., Gonzalez C., Jurado J.J., DeTejada D.D., 2009. Microsatellite based genetic diversity and population structure of the endangered Spanish Guadarrama goat breed. BMC Genet. 10, 61–64.
- She JX, Autem M, Kotoulas G, Pasteur N, Bonhomme F, 1987. Multivariate analysis of genetic exchanges between *Solea aegyptiaca* and *Solea senegalensis* (Teleosts, Soleidae), Biol, J, Linn, Soc, 32: 357-371.
- Singh G., Thakur Y., Kour A., Sankhyan V., Katoch S., 2015. Genetic characterization of Gaddi goat breed of western Himalayas using microsatellite markers, Veterinary World. 8(4); 527-531.
- Solignac M, Periquet G, Anxolabéhère D, Petit C, 1995. Génétique et évolution Tome II. L'espèce, l'évolution moléculaire. Collection Méthodes ; Hermann, Editeurs des Sciences et des Arts. 367pp.
- Stalling R. L., A. F. Ford, D Nelson, D. C. Torney, C. E. Hildebrand and R. K. Moyzis. 1991. Evolution and distribution of (GT)<sub>n</sub> repetitive sequences in mammalian genomes. Genomics. 10. 807-815.
- Steffen P. A., Eggen A. B. Dietz, J. E/ Womack G. Stranzinger and R. Fries. 1993. Isolation and mapping of polymorphic microsatellites in cattle. Animal Genetics. 24. 121-124.
- Taberlet P. and J. bouvet. 1992. Bear conservation genetics. Nature. 358- 197.

## *Références bibliographiques*

- Takezaki N., et Nei M. 1996. Genetic Distance and reconstruction of Phylogenetic trees From Microsatellite DNA. *Genetics*, 144, 389-399.
- Takoucht A., 1998. Essai d'identification de la variabilité génétique visible des populations caprines de la Vallée de M'ZAB et des Montagnes de l'ZHAGGAR. Thèse Ing. Etat. Inst. Agro, Blida, 52p.
- Vahidi S.M., Tarang A.R., Naqvi A.N., Anbaran M.F., Boettcher P., Joost S., Colli L., Garcia J.F., Ajmone-Marsan P., 2014. Investigation of the genetic diversity of domestic *Capra hircus* breeds reared within an early goat domestication area in Iran. *Genet. Sel. Evol.* 46, 27.
- Vaiman D.,M. Imam-Ghali Moazami-Goudarzi G. Guérin M. Nocrat C. Grophs H. Levezeil and N. Saïdi-Mehtar. 1994. Conservation of a syntenic group of microsatellite loci between cattle and sheep. *Mammalian Genome*. In press.
- Vanwarbeck O., 2008. Caractérisation technico-économique des élevages de chèvres laitières en région Wallonne. Travail de bachelier en agronomie, Haute Ecole de la Province de Liège, Belgique, 100p.
- Vignal A., Milan D., SanCristobal M. et Eggen A. 2002. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics Selection Evolution*. 34, 275–305.
- Vos P., Hogers R., Bleeker M., Van De Lee T., Hornes M., Frijters A., Pot J., Peleman J., Kuiper M. et Zabeau M. 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research* 23, 4407–4414.
- Weber J. L. and P. E. May. 1989. Abundant class of DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *American Journal of Human Genetics*. 44. 388-396.
- Weir B.S., Cockerham C.C., 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 1984; 38: 1358–1370.
- Williams J.G.K., Kublik A.R., Livak K.J., Rafalski J.A. et Tingey S.V. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids research*.18, 6531–6535.
- Wintero A.K., M. Fredholm and P. D. Thomsen. 1992. Variable (dG-dT)<sub>n</sub>. (dC-dA)<sub>n</sub> sequences in the porcine genome. *Genomics*. 12. 281-288.
- Wright S, 1978. *Evolution and the Genetics of populations Variability within and Among Natural Population*. University of Chicago.

## *Références bibliographiques*

- Yang Y. H., Kim K.I., Cothran E.G et Flannery A. R. (2002) Genetic diversity of Cheju Horses (*Equus caballus*) determined by using mitochondrial DNA D-loop polymorphism. *Biochem Genet.* 40, 175–186.
- Yeh F.C., Yang R.C., Boyle T.B.J., Ye Z.H., Mao J.X., 1997. POPGENE: The User-Friendly Shareware for Population Genetic Analysis. Edmonton, AB, Canada: University of Alberta; 1997.

# **ANNEXES**

**IVX. Annexes**



**Annexe 1** : La race Alpine (Source : [www.szzy.ch](http://www.szzy.ch))



**Annexe 2** : La race Saanen (Source : [www.szzy.ch](http://www.szzy.ch))



**Annexe 3 :** La race Poitevine (Source : [www.wikipedia.org](http://www.wikipedia.org))



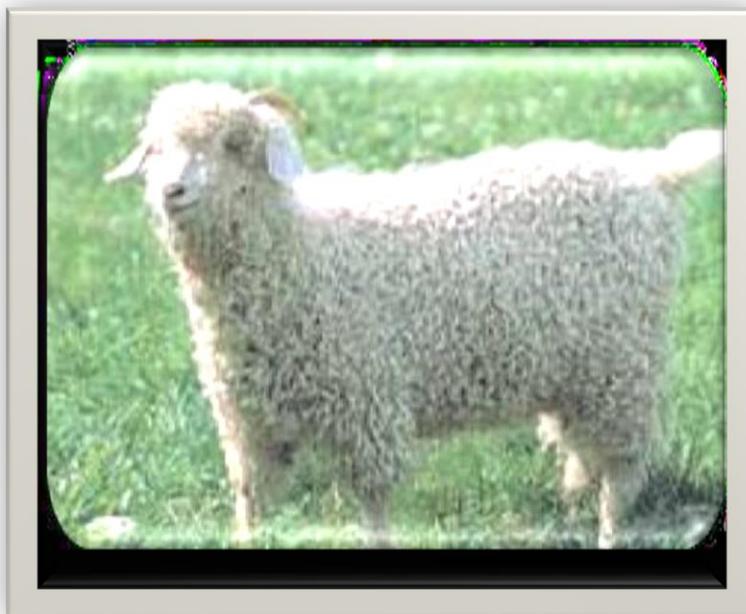
**Annexe 4 :** La race Maltaise (Source : Associazione nazionale della pastoiza Associazione italiana allevatori -Dr Andrea Rosalti)



**Annexe 5 :** La race Murciana (Source : Ministère de l’agriculture et de pêche –Madrid)



**Annexe 6 :** La race Toggenburg (Source : [www.szzy.ch](http://www.szzy.ch))



**Annexe 7 :** La race Angora (Source : Association nationale des éleveurs de chèvres Angora Les NAUZES)



**Annexe 8 :** La race Cachemire (Source : Lycée Agricole « Roc fleuri »-RUFFEC)



**Annexe 9 : la race Arbia**



**Annexe 10 : la race Mekatia**



**Annexe 11 : la race Naine de Kabylie**



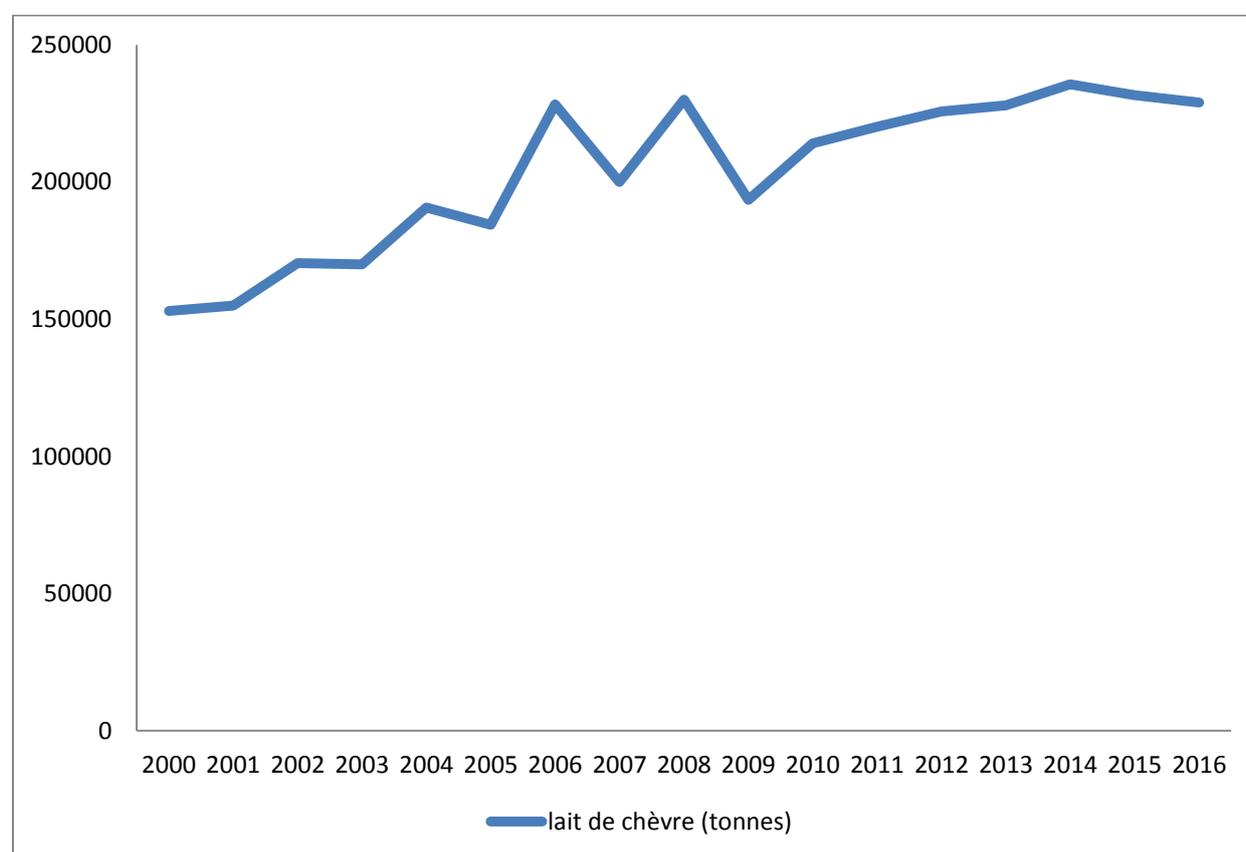
**Annexe 12 : la race M'zabite**

Annexe 13: Répartition et évolution des effectifs caprins par wilaya de 2000 à 2009 (En milliers de têtes)

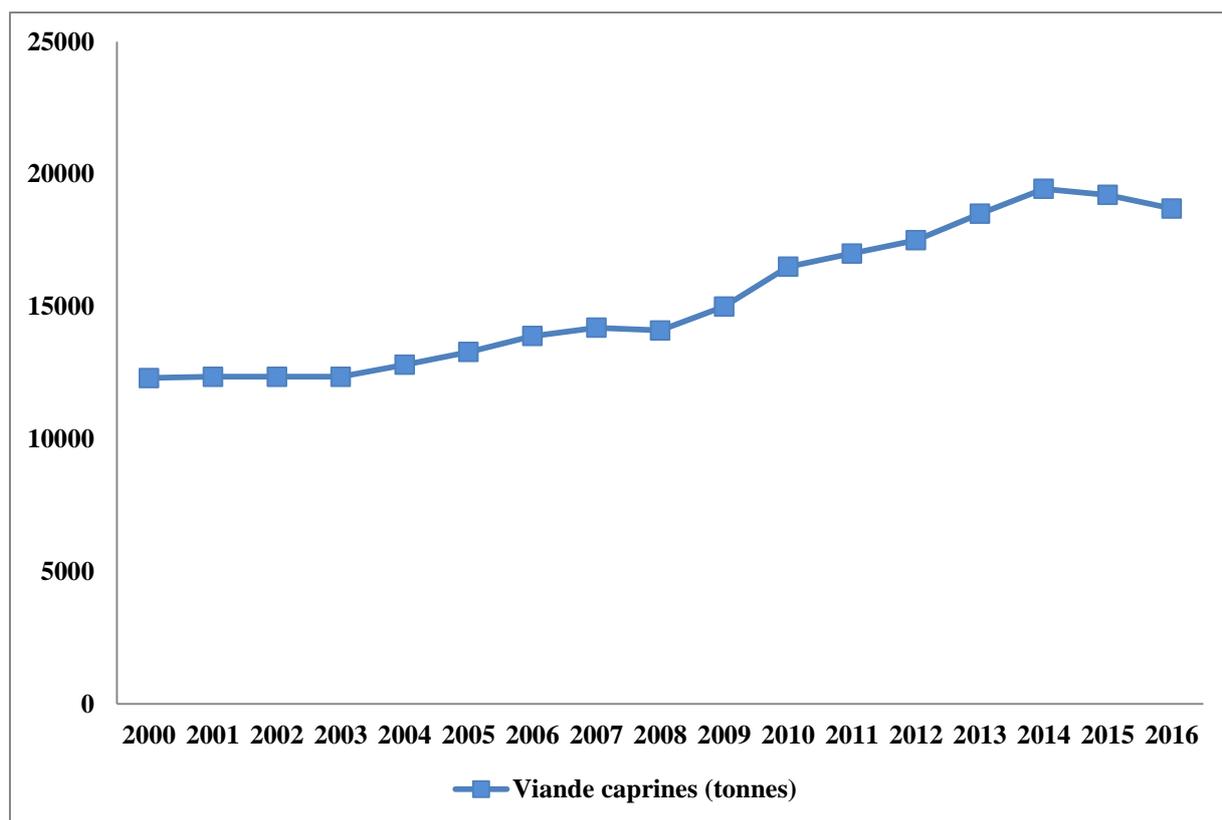
Wilayas/Années	2000	2001	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	Moy(00-09)
El Oued	155,8	195,4	225,5	238,6	239,9	261,9	285,3	242,1	288,9	237
Djelfa	150,8	157	170,5	153,7	203,2	206	215	215	224,8	188,4
Laghouat	97	129,2	135,2	133,3	132,9	133,3	129,2	128	130	127,6
Biskra	103,8	98,5	109	117,7	126,8	133,6	125,3	138,4	127,6	120,1
Batna	83,8	64,2	86	60	59,9	95,9	92,9	88,1	104	81,6
Ouargla	98,9	60	73,4	77,9	85,5	89,9	87,9	87,3	87,3	83,1
Ghardaia	99,7	85,8	85	85	87,6	87	90	82	80	86,9
M'sila	88,2	90,3	55	56	53,6	66	75	75	80	71
Elbayadh	20,7	64,5	71	71,4	71,1	72,1	72,6	73,9	79,6	66,3
Skikda	29,8	29,8	72,7	72,7	70,8	72,5	73,7	75,3	76,3	63,7
Tébessa	96,9	87,5	70	72,5	70	73	73	60	69	74,7
Tiaret	44,6	45,9	50,6	66,1	70,2	69,1	72,1	64,8	68,1	61,3
Béchar	37,9	42,6	31,6	32,3	38,6	46,8	50,8	53,9	63	44,2
Tissemsilt	19	36	35	33	28,6	49	49	45	52,3	38,5
SoukAhras	33	35	38,4	35,4	38,5	40,4	43,4	45,4	49	39,8
Adrar	37,5	37,6	37,8	42,8	42,6	43,8	45,7	46,3	46,2	42,3
Médéa	33,2	31,3	34,6	33,9	34,3	28,9	33,7	36,6	41	34,2
Chlef	34,1	33,8	35,6	34,7	36,8	43,1	40,9	40,6	40,2	37,7
Khenchla	43	43,8	38,4	33	33,5	34,9	37	36,3	39,5	37,7
Naâma	20,5	20,5	20,9	30,7	31	32,5	32,6	32,6	34,9	28,5
Sétif	30,5	27,9	28,3	31,1	31,3	33,3	33,2	33,7	34,7	31,6
Jijel	29,8	30,5	31,1	32,8	32,9	32,7	33,8	34,3	34,4	32,5
Guelma	19,7	22,3	21,5	21,7	24,7	25,5	28,4	31,3	32,5	25,3
Tindouf	17,3	15	22,1	32,7	30,4	25,7	28,5	30,1	30,1	25,8
Mascara	14,9	16	21,4	24,5	23,7	25,6	27	29,5	30	23,6
O,ElBouaghi	34,6	36,7	33,9	32,8	34,2	30,3	26,7	24,3	29,4	31,4
A,defla	14,9	14,6	16,8	19,5	19,6	20,4	21,5	22,3	28,7	19,8
Tamenrasset	15,5	34,9	33,7	36,8	25,1	24,9	26,4	27,3	27,8	28
B,B,arreriddj	19,2	18	17,7	18,8	19,1	19,8	22,4	25,3	25,8	20,7
Rélizane	15	16	17	16	15,6	16,2	16,1	18,1	25	17,2
TiziOuzou	16,9	16,5	20	21	21,1	21,8	21,4	22,7	24,1	20,6
ElTarf	15	15	23,5	26,1	27,2	24,7	22,8	22,5	23,1	22,2
Béjaia	19,5	17,8	24,6	20,2	16,8	17,8	17,9	19,7	22,4	19,6
Tlemcen	13,5	14,5	13,8	18	16,6	15,8	16,5	19,6	20,6	16,6
Saida	21	20,8	11,5	12	18,9	29,2	27	24	20,5	20,6
Mila	11,5	14,4	15	14,9	16,7	18,8	20,5	19,2	19,8	16,8
Illizi	13,4	13,5	14,6	14,6	14,4	14,9	15,3	15,7	15,9	14,7

Bouira	13,1	13	13,3	13,3	16,5	17	13,1	15,2	13,5	14,2
S,BelAbbès	8,6	11,3	12,9	12,3	11,4	11,9	11,8	11,8	11,8	11,5
Mostaganem	7,3	7,9	3,3	7,9	23,7	8,1	8,2	8,3	9,2	9,3
Annaba	6,6	6	8,8	8	7,5	8,5	8,5	8,4	8,6	7,9
Tipaza	5,5	3,8	7,6	8,3	8,4	8,5	8	7,4	8,3	7,3
A,Témouchent	3,1	3	3,2	4,7	4,3	4,9	5	6,1	6,1	4,5
Oran	3,7	4,7	4,1	3,7	3,5	4,6	4,5	5	4,9	4,3
Constantine	2,1	2	2,6	1,8	2,6	4,3	4,3	4,2	3,5	3
Boumerdès	2	2,1	2,5	2,7	2,1	2,5	2,4	2,5	2,6	2,4
Blida	2,5	2,9	2,9	3	2,5	3,6	3,8	3,7	2,5	3
Alger	0,5	0,6	0,4	0,4	0,1	0,7	1	1	1,1	0,6
Total effectif	1705,4	1790	1904	1940	2026	2152	2201	2160	2299	2019,6

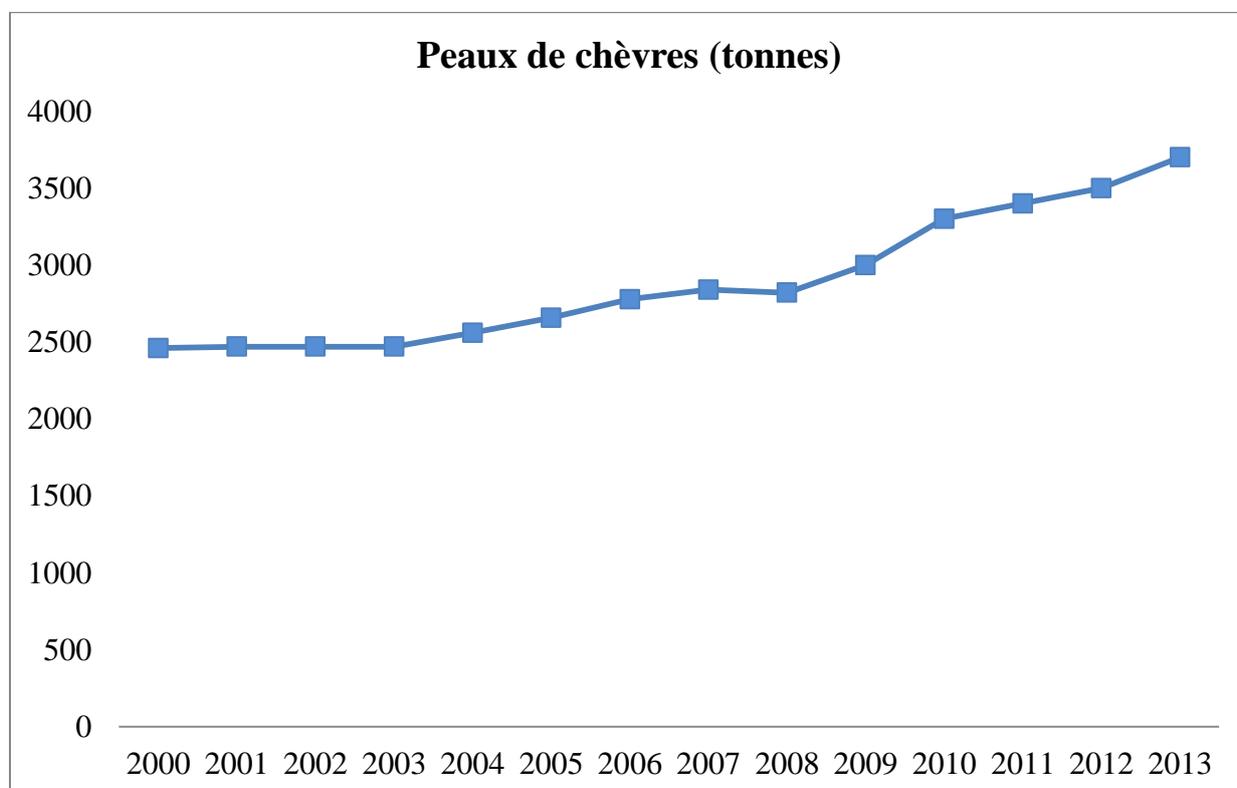
Source : MADRP(2011)



Annexe 14 : Evolution de la production laitière caprine en Algérie entre 2000 et 2016 (source : F.A.O. 2018)



Annexe 15 : Evolution de la production de viande caprine en Algérie (source : F.A.O. 2018)



Annexe 16 : Evolution de la production de peau caprine en Algérie (source : F.A.O. 2018)

## **Annexe 17: Protocole d'extraction NACL et préparation des solutions :**

### **1-Extraction de l'ADN par la technique de NaCl :**

Les premières étapes de toute étude de biologie moléculaire nécessitent l'extraction d'ADN génomique. Cette extraction peut se faire à partir de tissus de différents organes, de la peau.

Cependant, le sang est le matériel biologique duquel l'ADN est le plus souvent extrait car il est plus simple à utiliser, à prélever...

#### **1-1-Principe :**

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

#### **1-2- Etapes de l'extraction de l'ADN**

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

##### a) Lyse des globules rouges :

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

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

##### b) Lyse des globules blancs :

Au culot de lymphocytes obtenu, 1500 µl de solution de lyse (SLB :Tris/Hcl 10mM, EDTA 0.1M, SDS 0.5% , pH=8) sont ajoutés.

Le SDS (Sodium Dodécyl Sulfate) contenu dans cette solution a pour rôle de solubiliser les lipides des membranes plasmiques afin de déstructurer ces dernières, inhiber les nucléases et dénaturer les protéines.

Après resuspension de ce culot par une agitation rapide, 25µl de protéinase K à 20mg/ml sont ajoutés afin qu'elle digère toutes les protéines associées à l'ADN.

##### c) précipitation de l'ADN :

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

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

Ceci est dû essentiellement à la compétition entre les ions salins ajoutés et les autres solutés dissous par la solvatisation des molécules. Ainsi beaucoup de protéines indésirables (PK+ Débris cellulaires) sont éliminées de la solution après avoir été entraînées vers le fond du tube. Le surnageant ainsi formé contient de l'ADN. C'est le phénomène de *Salting-Out* (précipitation saline). Après une agitation vigoureuse suivie d'une centrifugation à 4000tours/mn pendant 15 mn (pour que les deux phases soient séparées), le surnageant résultant est transféré dans un autre tube en évitant de décoller le culot. Deux volumes d'éthanol absolu froid de celui du surnageant sont ajoutés dans le tube.

On remarque que dès l'ajout de l'éthanol, la solution devient blanchâtre et l'ADN commence à se précipiter (l'éthanol condense l'ADN).

Après une agitation douce, l'ADN se précipite sous forme de filaments qui se compactent rapidement en une masse blanchâtre visible à l'œil nu appelée : *méduse* qui sera ensuite récupérée dans un tube eppendorf stérile, puis lavée à l'éthanol froid à 70% et à 100% et séchée. La dissolution de la méduse se fait dans 200 à 500 µl de tampon TE 10/1 (Tris/HCl : 10mM ; EDTA : 1mM ; pH=8.0) selon la taille de la méduse et à une agitation douce à température ambiante pendant au moins 24h pour avoir enfin un ADN complètement dissout prêt à être utilisé (dosage, PCR...).

#### **PREPARATION DES SOLUTIONS :**

##### Préparation de 1L de TE10/10 :

- 10ml tris-Hcl (1M, pH=8)
- 20ml EDTA (0.5M, pH=8)
- qsp eau distillée.

##### Préparation de 1L de TE10/1 :

- 10ml tris-Hcl (1M, pH=8)
- 2 ml EDTA (0.5M, pH=8)
- qsp eau distillée.

##### Préparation de la solution de lyse (100ml) :

- 1ml tris-Hcl (1M, pH=8)
- 20ml EDTA (0.5M, pH=8)
- 5ml SDS (10%)

-qsp eau distillée.

Préparation de NaCl (5M) :

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

Préparation de EDTA (0,5 M ; pH=8) :

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

Préparation de TRIS Hcl (pH= 8) :

121,14 g pour 1L

Equilibrer avec Hcl pour pH = 8

**Annexe 18 :** Résultats de mesures effectuées avec le NanoDrop 2000 sur les ADN des quatre races caprines étudiées. (- : Bouc, + : chèvre)

Échantillon	Concentration en acide nucléique	Unité	A260	A280	260/280
BLANK (étalonnage avec T <sub>10</sub> E <sub>1</sub> )	0,2	ng/µl	0,003	0	-11,67
01 AR -	75,5	ng/µl	1,509	0,899	1,68
02 AR -	42,8	ng/µl	0,857	0,558	1,53
03 AR -	76,2	ng/µl	1,523	1,004	1,52
04 AR -	21,2	ng/µl	0,425	0,199	2,13
05 AR -	88,8	ng/µl	1,775	1,146	1,55
06 AR -	93,1	ng/µl	1,861	1,386	1,34
07 AR -	42,7	ng/µl	0,853	0,464	1,84
08 AR -	39,5	ng/µl	0,79	0,379	2,09
09 AR -	88,2	ng/µl	1,764	1,062	1,66
10 MO -	83,9	ng/µl	1,678	0,971	1,73
100 MO +	26,3	ng/µl	0,527	0,283	1,86
101 MO +	61,6	ng/µl	1,231	0,712	1,73
102 NK -	97,1	ng/µl	1,941	1,209	1,61
103 NK -	51,7	ng/µl	1,033	0,741	1,39
105 NK -	88	ng/µl	1,76	1,229	1,43
106 NK -	58,5	ng/µl	1,17	0,782	1,5
107 NK -	115,2	ng/µl	2,304	1,451	1,59
108 NK -	117,4	ng/µl	2,349	1,615	1,45
109 NK -	79,2	ng/µl	1,584	1,149	1,38
11 ME -	51,7	ng/µl	1,035	0,676	1,53
110 NK -	129	ng/µl	2,58	1,803	1,43
111 ME +	111,6	ng/µl	2,233	1,337	1,67
112 ME +	104,2	ng/µl	2,085	1,336	1,56
113 ME -	92,8	ng/µl	1,857	1,075	1,73
114 ME +	24,5	ng/µl	0,491	0,309	1,59
114 MO +	26,2	ng/µl	0,523	0,338	1,55
115 ME -	114,3	ng/µl	2,286	1,437	1,59
115 MO +	64,1	ng/µl	1,282	0,885	1,45
116 AR +	67,5	ng/µl	1,349	0,82	1,65
116 MO +	93,8	ng/µl	1,875	1,261	1,49
117 ME +	82,1	ng/µl	1,641	0,965	1,7
118 AR -	34,8	ng/µl	0,696	0,442	1,57

119 AR -	106,5	ng/µl	2,131	1,279	1,67
12 ME -	80,4	ng/µl	1,608	1,022	1,57
120 AR -	80	ng/µl	1,6	1,001	1,6
121 AR -	33,2	ng/µl	0,664	0,451	1,47
122 AR -	99,9	ng/µl	1,999	1,398	1,43
123 AR -	96	ng/µl	1,921	1,242	1,55
124 ME -	99,9	ng/µl	1,997	1,332	1,5
125 ME -	112,4	ng/µl	2,247	1,393	1,61
126 ME -	115,6	ng/µl	2,312	1,484	1,56
127 ME -	53,8	ng/µl	1,077	0,721	1,49
128 ME -	105,4	ng/µl	2,107	1,281	1,65
129 ME -	38,1	ng/µl	0,762	0,421	1,81
13 ME -	44,1	ng/µl	0,883	0,447	1,98
130 ME -	105,5	ng/µl	2,111	1,406	1,5
131 ME -	93,4	ng/µl	1,868	1,178	1,59
133 ME -	92,9	ng/µl	1,858	1,055	1,76
134 ME +	31,2	ng/µl	0,623	0,362	1,72
135 ME +	98,9	ng/µl	1,979	1,277	1,55
136 ME +	104,9	ng/µl	2,098	1,297	1,62
137 ME +	63,3	ng/µl	1,266	0,754	1,68
138 ME +	103,4	ng/µl	2,069	1,295	1,6
139 ME -	84,5	ng/µl	1,689	1,049	1,61
140 ME -	93,8	ng/µl	1,876	1,121	1,67
141 ME -	84,4	ng/µl	1,687	1,055	1,6
142 ME -	33,6	ng/µl	0,671	0,378	1,78
143 ME -	87	ng/µl	1,74	0,989	1,76
144 ME -	85,9	ng/µl	1,719	0,947	1,82
145 ME -	103,2	ng/µl	2,064	1,325	1,56
146 ME -	71,2	ng/µl	1,423	0,907	1,57
147 ME -	23,2	ng/µl	0,465	0,29	1,6
148 ME -	41	ng/µl	0,82	0,545	1,51
14NK-	120,3	ng/µl	2,407	1,398	1,72
15 NK+	123,7	ng/µl	2,473	1,515	1,63
150 ME -	92,4	ng/µl	1,848	1,147	1,61
151 AR -	83,1	ng/µl	1,663	0,973	1,71
152 AR -	24,7	ng/µl	0,494	0,232	2,13
153 AR -	51,1	ng/µl	1,022	0,577	1,77
154 AR -	70	ng/µl	1,401	0,845	1,66
155 AR -	78	ng/µl	1,561	1,038	1,5
157 AR -	76,8	ng/µl	1,536	0,878	1,75
158 AR -	62,4	ng/µl	1,248	0,739	1,69
159 AR -	79,5	ng/µl	1,591	0,957	1,66
16 NK+	127,7	ng/µl	2,554	1,551	1,65
160 AR -	78,4	ng/µl	1,568	0,994	1,58
161 AR -	30,9	ng/µl	0,618	0,352	1,76
163 AR -	108,7	ng/µl	2,173	1,323	1,64
165 AR -	41,3	ng/µl	0,826	0,518	1,59
166 AR -	56,7	ng/µl	1,134	0,729	1,56
167 AR -	47,3	ng/µl	0,946	0,652	1,45
168 AR -	64,6	ng/µl	1,291	0,793	1,63
169 AR -	93,4	ng/µl	1,868	1,01	1,85
170 AR -	75,6	ng/µl	1,512	0,772	1,96

171 AR -	92,2	ng/μl	1,844	1,089	1,69
172 AR -	77,1	ng/μl	1,542	1,078	1,43
173 AR -	38,8	ng/μl	0,776	0,402	1,93
174 AR -	41,1	ng/μl	0,822	0,484	1,7
175 AR -	26,4	ng/μl	0,527	0,346	1,52
176 AR -	90,6	ng/μl	1,812	1,03	1,76
177 AR -	34,5	ng/μl	0,69	0,374	1,85
178 AR -	49,6	ng/μl	0,992	0,485	2,04
179 AR -	47,7	ng/μl	0,953	0,564	1,69
17NK-	112,3	ng/μl	2,247	1,38	1,63
18 NK+	119,1	ng/μl	2,383	1,487	1,6
180 AR -	59,4	ng/μl	1,188	0,696	1,71
181 AR -	41,1	ng/μl	0,822	0,451	1,82
182 AR -	73,5	ng/μl	1,471	0,961	1,53
183 AR -	14,7	ng/μl	0,294	0,141	2,09
184 AR -	77,2	ng/μl	1,544	1,13	1,37
185 AR -	112	ng/μl	2,239	1,23	1,82
186 AR -	101,5	ng/μl	2,03	0,999	2,03
187 AR -	107,6	ng/μl	2,152	1,14	1,89
188 AR -	58,1	ng/μl	1,162	0,498	2,33
190 AR -	66,8	ng/μl	1,335	0,668	2
191 AR -	53,8	ng/μl	1,077	0,436	2,47
192 AR -	92,9	ng/μl	1,857	0,961	1,93
193 NK+	117,1	ng/μl	2,342	1,435	1,63
194 NK+	65,1	ng/μl	1,302	0,765	1,7
195 NK+	53,2	ng/μl	1,064	0,682	1,56
196 NK+	71,8	ng/μl	1,435	0,89	1,61
197 NK+	126,7	ng/μl	2,534	1,613	1,57
198 NK+	43,8	ng/μl	0,876	0,52	1,68
199 AR +	61	ng/μl	1,221	0,805	1,52
19NK-	35,1	ng/μl	0,703	0,425	1,65
20 NK -	123,9	ng/μl	2,477	1,549	1,6
200 AR +	76,7	ng/μl	1,535	0,836	1,83
201 AR +	49	ng/μl	0,98	0,634	1,54
202 AR +	68	ng/μl	1,361	0,834	1,63
203 AR +	55,3	ng/μl	1,106	0,687	1,61
204 AR +	35,5	ng/μl	0,71	0,425	1,67
205 AR +	48	ng/μl	0,96	0,474	2,02
206 AR +	48	ng/μl	0,961	0,641	1,5
207 AR -	72,8	ng/μl	1,456	0,844	1,73
208 AR -	51	ng/μl	1,019	0,701	1,45
209 MO -	103,6	ng/μl	2,072	1,427	1,45
20NK-	120,9	ng/μl	2,417	1,471	1,64
210 MO -	101,2	ng/μl	2,023	1,25	1,62
211 MO -	46	ng/μl	0,92	0,57	1,61
212 MO -	19,1	ng/μl	0,381	0,253	1,51
213 MO -	44,2	ng/μl	0,885	0,571	1,55
215 MO -	118,2	ng/μl	2,364	1,513	1,56
217 MO +	92	ng/μl	1,839	1,244	1,48
218 MO +	90,9	ng/μl	1,818	1,184	1,54
21NK-	95,3	ng/μl	1,906	1,196	1,59
22 NK+	101	ng/μl	2,02	1,517	1,33

220 MO +	92,4	ng/µl	1,849	1,335	1,38
221 MO +	77,1	ng/µl	1,542	0,933	1,65
222 MO -	68,2	ng/µl	1,364	0,783	1,74
223 MO +	112	ng/µl	2,241	1,694	1,32
224 MO +	36	ng/µl	0,721	0,456	1,58
225 MO +	48,5	ng/µl	0,97	0,739	1,31
225 MO -	268,4	ng/µl	5,368	3,363	1,6
226 MO -	55,7	ng/µl	1,114	0,663	1,68
227 MO -	119,8	ng/µl	2,397	1,546	1,55
228 MO +	88,2	ng/µl	1,764	1,161	1,52
229 MO +	33	ng/µl	0,661	0,405	1,63
230 MO -	102,2	ng/µl	2,044	1,293	1,58
231 MO -	73,2	ng/µl	1,464	0,937	1,56
232 MO -	73,4	ng/µl	1,468	0,948	1,55
233 MO +	53,1	ng/µl	1,062	0,63	1,69
23NK-	106,4	ng/µl	2,128	1,318	1,61
24NK-	36,6	ng/µl	0,731	0,424	1,72
25 NK+	94,6	ng/µl	1,893	1,072	1,77
26NK-	108,1	ng/µl	2,162	1,313	1,65
29 NK-	49,6	ng/µl	0,991	0,608	1,63
30 NK-	127,5	ng/µl	2,55	1,521	1,68
31 NK-	90,2	ng/µl	1,804	1,065	1,69
32 NK-	34,4	ng/µl	0,687	0,419	1,64
33 NK-	120,7	ng/µl	2,413	1,539	1,57
34 NK-	45,5	ng/µl	0,909	0,501	1,81
35 NK-	69	ng/µl	1,38	0,864	1,6
36 NK-	91,8	ng/µl	1,836	1,168	1,57
37 NK-	87,3	ng/µl	1,746	1,164	1,5
38 NK-	108,6	ng/µl	2,172	1,28	1,7
40 NK-	87	ng/µl	1,74	1,275	1,36
42 NK-	120,6	ng/µl	2,413	1,641	1,47
43 NK-	32,2	ng/µl	0,644	0,436	1,48
44 NK -	75,6	ng/µl	1,512	1,026	1,47
45 NK+	-49,9	ng/µl	-0,998	-0,615	1,62
46 NK -	66	ng/µl	1,321	0,914	1,44
47 NK -	101,1	ng/µl	2,021	1,406	1,44
48 NK -	128	ng/µl	2,559	1,616	1,58
48 NK-	-3	ng/µl	-0,061	-0,073	0,84
49 NK -	73,5	ng/µl	1,47	0,96	1,53
50 NK+	115,2	ng/µl	2,305	1,395	1,65
51 NK+	56,9	ng/µl	1,138	0,625	1,82
52 NK -	81	ng/µl	1,621	1,099	1,48
53 NK -	89,8	ng/µl	1,796	1,068	1,68
54 NK -	124,4	ng/µl	2,488	1,606	1,55
55 NK -	105,2	ng/µl	2,104	1,397	1,51
56 NK -	41,8	ng/µl	0,837	0,542	1,54
57 NK -	75,1	ng/µl	1,502	0,942	1,59
58 NK -	119,8	ng/µl	2,396	1,5	1,6
59 NK+	75,9	ng/µl	1,517	1,181	1,28
61 AR -	29,3	ng/µl	0,587	0,391	1,5
62 AR +	64,9	ng/µl	1,298	0,777	1,67
63 AR +	107	ng/µl	2,14	1,398	1,53

64 AR -	26,4	ng/μl	0,528	0,324	1,63
65 AR +	71,4	ng/μl	1,427	0,825	1,73
66 ME +	100,8	ng/μl	2,015	1,212	1,66
67 ME +	81,9	ng/μl	1,638	1,012	1,62
69 ME +	66,8	ng/μl	1,336	0,812	1,64
70 AR -	28,8	ng/μl	0,576	0,354	1,63
71 AR -	101,8	ng/μl	2,037	1,306	1,56
72 AR -	75,1	ng/μl	1,502	0,894	1,68
73 ME +	94,2	ng/μl	1,883	1,183	1,59
74 ME +	108,7	ng/μl	2,175	1,404	1,55
75 ME -	61	ng/μl	1,22	0,784	1,56
76 AR +	68,9	ng/μl	1,377	0,902	1,53
78 AR +	84	ng/μl	1,679	0,947	1,77
79 AR -	53,4	ng/μl	1,067	0,659	1,62
80 AR +	44,3	ng/μl	0,886	0,531	1,67
81 ME -	36	ng/μl	0,72	0,397	1,81
82 ME -	119	ng/μl	2,379	1,54	1,55
83 AR +	93,3	ng/μl	1,867	1,184	1,58
84 AR -	96,4	ng/μl	1,928	1,234	1,56
85 ME -	76	ng/μl	1,521	0,954	1,59
86 ME +	40,8	ng/μl	0,816	0,508	1,61
87 ME -	85,6	ng/μl	1,712	0,972	1,76
88 ME +	63,8	ng/μl	1,276	0,847	1,51
89 ME +	62	ng/μl	1,239	0,801	1,55
90 ME +	56,2	ng/μl	1,124	0,707	1,59
91 AR -	89,6	ng/μl	1,792	1,176	1,52
92 ME +	118,7	ng/μl	2,374	1,545	1,54
93 MO +	48,5	ng/μl	0,97	0,686	1,41
93 MO -	44,6	ng/μl	0,893	0,498	1,79
94 MO +	91,5	ng/μl	1,83	0,899	2,04
95 MO +	53,3	ng/μl	1,066	0,682	1,56
96 MO +	59,3	ng/μl	1,186	0,642	1,85
97 MO +	91	ng/μl	1,82	1,06	1,72
98 MO +	23	ng/μl	0,46	0,225	2,04
99 MO +	46,7	ng/μl	0,933	0,615	1,52
Moyenne	75,20538117	ng/μl	1,5041	0,93531	1,6335

Annexe 19 : Paramètres du polymorphisme génétique des dix-huit loci étudiés dans les chèvres NK, AR, ME et MO.

Loci	N	interval allélique (bp)	Na	Ne	PIC
<b>INRA0023</b>	224	191-231	21	14,18	0,93
<b>INRA005</b>	223	120-186	33	18,51	0,94
<b>OARFCB20</b>	224	73-123	26	13,67	0,92
<b>ILTS0019</b>	223	124-170	21	13,09	0,92
<b>BM1818</b>	220	240-298	26	15,43	0,93

<b>INRA0132</b>	215	130-190	28	19,37	0,95
<b>CSRD0247</b>	215	96-138	22	16,38	0,94
<b>McM0527</b>	218	147-213	28	18,69	0,94
<b>SRCSR005</b>	220	148-208	27	18,68	0,94
<b>ILTS0087</b>	220	127-159	17	11,60	0,91
<b>SRCSR0023</b>	215	83-133	24	15,79	0,93
<b>HSC</b>	219	261-309	24	19,28	0,95
<b>BM1329</b>	222	148-188	20	13,84	0,92
<b>INRA063</b>	220	141-217	35	24,84	0,96
<b>MAF0065</b>	215	111-205	27	13,89	0,92
<b>SRCSR0008</b>	214	201-259	24	17,67	0,94
<b>SRCSR0024</b>	216	129-179	26	18,54	0,94
<b>BM1258</b>	211	94-134	21	17,72	0,94
<b>Moyenne</b>			25	16,73	0,93

**NK:** Naine de Kabylie, **AR:** Arbia, **ME:** Mekatia, **MO:** M'zabite, **Na:** nombre d'allèles, **Ne:** nombre effectif d'allèles, **PIC:** contenu d'information polymorphe,

Annexe 20 : Paramètres du polymorphisme génétique des dix-huit loci étudiés dans les chèvres NK, AR, ME et MO.

<b>Loci</b>	<b>F<sub>IS</sub>*</b>	<b>F<sub>IT</sub>*</b>	<b>F<sub>ST</sub>*</b>
<b>INRA0023</b>	-0,061	-0,039	0,021
<b>INRA005</b>	0,065	0,112	0,050
<b>OARFCB20</b>	-0,042	-0,010	0,031
<b>ILTS0019</b>	0,014	0,039	0,026
<b>BM1818</b>	0,092	0,149	0,062
<b>INRA0132</b>	0,021	0,041	0,020
<b>CSRD0247</b>	0,098	0,173	0,083
<b>McM0527</b>	0,098	0,148	0,055
<b>SRCSR005</b>	0,075	0,124	0,054
<b>ILTS0087</b>	0,031	0,065	0,034
<b>SRCSR0023</b>	0,064	0,146	0,087
<b>HSC</b>	0,060	0,126	0,070

<b>BM1329</b>	0,123	0,187	0,073
<b>INRA063</b>	0,179	0,219	0,049
<b>MAF0065</b>	0,058	0,128	0,075
<b>SRCRSP0008</b>	0,056	0,073	0,018
<b>SRCRSP0024</b>	0,072	0,093	0,023
<b>BM1258</b>	0,023	0,058	0,036
<b>Moyenne</b>	0,057	0,102	0,048

**NK:**Naine de kabylie, **AR:** Arbia, **ME:**Mekatia, **MO:**M'zabite, \* **F<sub>IT</sub>**, **F<sub>IS</sub>**, **F<sub>ST</sub>**: Les statistiques F de Wright,

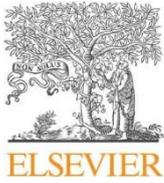
Annexe 21 : Paramètres du polymorphisme génétique des dix-huit loci étudiés dans les chèvres NK, AR, ME et MO.

<b>Loci</b>	<b>Ho</b>	<b>He</b>	<b>Ĥ</b>	<b>F(Null)</b>
<b>INRA0023</b>	0,96	0,93	0,91	-0,0167
<b>INRA005</b>	0,85	0,95	0,90	0,0515
<b>OARFCB20</b>	0,93	0,93	0,90	-0,0016
<b>ILTS0019</b>	0,89	0,92	0,90	0,0165
<b>BM1818</b>	0,80	0,94	0,88	0,0778
<b>INRA0132</b>	0,91	0,95	0,93	0,0217
<b>CSR0247</b>	0,79	0,94	0,86	0,0887
<b>McM0527</b>	0,81	0,95	0,90	0,0793
<b>SRCSRP005</b>	0,82	0,95	0,90	0,0696
<b>ILTS0087</b>	0,87	0,91	0,88	0,0257
<b>SRCSRP0023</b>	0,80	0,94	0,86	0,0774
<b>HSC</b>	0,83	0,95	0,88	0,0653
<b>BM1329</b>	0,76	0,93	0,86	0,1009
<b>INRA063</b>	0,76	0,96	0,91	0,1168
<b>MAF0065</b>	0,79	0,93	0,86	0,0794
<b>SRCRSP0008</b>	0,88	0,94	0,93	0,0354
<b>SRCRSP0024</b>	0,86	0,95	0,92	0,0477
<b>BM1258</b>	0,88	0,94	0,91	0,034

<b>Moyenne</b>	0,84	0,94	0,89	
----------------	------	------	------	--

**NK:**Naine de kabylie, **AR:** Arbia, **ME:**Mekatia, **MO:**M'zabite, \* Les statistiques de Wright selon Weir et Cockerham.1984; \*  $P < 0,05$ , \*\*  $P < 0,01$ , \*\*\*  $P < 0,001$ , **Ho:** hétérozygotie observée , **He:** hétérozygotie attendue, **Ĥ:** hétérozygotie moyenne, **HWE:** L'équilibre de Hardy-Weinberg, **F (Null):** fréquence allèle nulle.

**PRODUCTIONS  
SCIENTIFIQUES**



Contents lists available at ScienceDirect

Small Ruminant Research



## Genetic characterization of four Algerian goat breeds assessed by microsatellite markers

Hakim Tefiel<sup>a,b,\*</sup>, Nezih Ata<sup>c</sup>, Mohamed Chahbar<sup>d</sup>, Mohamed Benyarou<sup>e</sup>, Khaled Fantazi<sup>f</sup>, Onur Yilmaz<sup>c</sup>, Ibrahim Cemal<sup>c</sup>, Orhan Karaca<sup>c</sup>, Dalila Boudouma<sup>d</sup>, Semir Bechir Suheil Gaouar<sup>e</sup>

<sup>a</sup> National High School of Veterinary, Oued Smar, Algiers, Algeria

<sup>b</sup> Department of Agronomic Sciences, Institute of Exact Sciences and Sciences of Nature and Life, University Centre Ahmed Zabana, Relizane, Algeria

<sup>c</sup> Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Adnan Menderes University, Aydin, Turkey

<sup>d</sup> National High School of Agronomie, EL Harrach, Algiers, Algeria

<sup>e</sup> PpBioNut Laboratory, University Abou Bekr Bêlkaid, Tlemcen, Algeria

<sup>f</sup> National Institute of Agronomic Research, Animal Productions Division, INRA Algeria, BP200 Hassen Badi, El-Harrach 16200, Algiers, Algeria



### ARTICLE INFO

#### Keywords:

Genetic diversity  
Native Algerian goats breeds  
Microsatellites  
Population genetic structure

### ABSTRACT

Genetic characterization and diversity of local goat breeds (Naine de Kabylie, Arbia, Mekatia, and M'zabite) raised in Algeria ( $n = 224$ ) were investigated by eighteen microsatellite markers recommended by FAO (2011). A total of 450 alleles were detected in this study. The mean values of polymorphic information content, observed heterozygosity and expected heterozygosity were 0.93, 0.84, 0.94, respectively. The mean number of alleles per population ranged from 12.94 (M'zabite) to 16.39 (Arbia). The highest values of FIS, FST and FIT known as Wright F-statistics were 0.179, 0.087 and 0.219, respectively. Although a total of 118 private alleles was observed in this study, only frequency of six allele in M'zabite goat breed was greater than 5%. Mekatia and Arbia goat populations were genetically closest to each other according to dendrogram. Obtained GST value from the present study indicated that 4.00% of total genetic variation resulted from the differences between the breeds. This study indicates that the four studied Algerian native goat breeds are classified into distinct breeds with a good level of genetic diversity. Indeed, our results showed that the used microsatellite markers were adequately polymorphic and that they can be successfully used to investigate genetic diversity in Algerian goat populations.

### 1. Introduction

As in most countries of the Mediterranean region, the Goat (*Capra hircus*) is considered the most prolific ruminant among all domesticated ruminants especially under harsh climatic conditions. This is due to their ability of adapting to different environmental conditions, nutritional fluctuations, disease resistance and capacity to survive under low input systems (Serrano et al., 2009).

In Algeria native goat breeds, play a major role in using resources available under extensive production systems and marginal areas and thus contributing for environmental and socio-economic stability. In Algeria, there are approximately 4 million goats that are a source of income for about 800.000 small farmers. Goats are in second place with 13 percent of which does comprise half. Algeria located in north-west of African continent has a significant traditional background for goat breeding. Average annual milk production during the past decade has been about a billion liters of which 60% are from cows, 26% from ewes and 13% from goats (Nedjraoui, 2006). Arbia (AR), Mekatia (ME),

M'zabite (MO) and Naine de kabylie (NK) which are native goat breeds of Algeria are important for milk quality and meat yield (Table 1). Indigenous breeds, which are the basic elements of animal breeding, have adapted very well to the ecological, sociological and economic conditions of different geographies. Culture breeds or crosses replace native breeds due to changing consumer habits, economic expectations of farmers and desire to work with highly productive animals that can respond to the demands of the growing population (Criscione et al., 2016). Variation, which is a fundamental characteristic of biological systems, is significantly reduce due to many factors such as species, breed or gene loss. The conservation of animal genetic resources is becoming an increasingly important issue in the world.

The inbreeding levels, genetic diversity and admixture in populations should be clearly addressed in conservation and breeding programs to be constructed. Microsatellites markers are very important and efficient tools for genetic diversity analysis because of their high degree of polymorphism, random distribution across the genome, co-dominance, possibility of automated scoring of genotypes and neutrality

January 2018

Available online 31 January 2018

\* Corresponding author at: Department of Agronomic Sciences, Institute of Exact Sciences and Sciences of Nature and Life, University Centre Ahmed Zabana, Relizane, Algeria.

E-mail addresses: [h.tefiel@ensv.dz](mailto:h.tefiel@ensv.dz), [hakimtefiel@yahoo.fr](mailto:hakimtefiel@yahoo.fr) (H. Tefiel).

# RÉSUMÉS

## **VX. Résumé**

Dix-huit microsatellites ont été utilisés pour évaluer la diversité génétique de 4 races de chèvres algériennes et les relations établies entre elles. Le matériel génétique utilisé provient de 224 chèvres dont 79 sont de race Arbia (AR), 51 de race Mekatia (ME) 35 de race M'zabite (MO) et 59 de race Naine de Kabylie (NK). Un total de 450 allèles a fait l'objet de nos investigations dont il résulte que : le nombre moyen d'allèles (MNA) varie de 12,94 pour la race MO à 16,39 pour la race AR. Le nombre d'allèles privés total est de 118. Il varie de 19 pour la race ME, à 43 pour la race NK. Cependant, seuls 6 allèles privés de la race MO présentent une fréquence supérieure à 5%. La race Arbia se caractérise par le nombre d'allèles privés le plus élevé (17). Le nombre moyen d'allèles par locus s'établit à 25 et le nombre effectif d'allèles à 16,73. Les valeurs PIC de 0,93. Les valeurs  $F_{IS}$  varient de -0,061 à 0,1779 et la valeur  $F_{IT}$  est comprise entre -0,039 et 0,219. Le  $F_{ST}$  le plus élevé est de 0,087, et le plus bas de 0,018. Les valeurs  $F_{IS}$  positives de 0,023, 0,077, 0,082 et 0,085 concernent respectivement les races NK, MO, AR et ME. La valeur moyenne d'hétérozygotie pour l'ensemble des loci étudiés est de 0,89 avec des valeurs de  $H_o$  et  $H_e$  respectivement de l'ordre de 0,84 et 0,94. La distance génétique la plus courte (0,0533) est observée entre les races caprines M'zabite et Arbia. La chèvre de race Naine de Kabylie est celle qui s'éloigne le plus génétiquement des 3 autres races. L'ensemble des paramètres étudiés indique que les 4 races de chèvre indigènes algériennes étudiées sont apparentées à des races distinctes de bon niveau de diversité génétique.

Mots clés: Algérie, chèvre, diversité génétique, microsatellites, population, structure génétique.

## **VIX. Abstract**

Eighteen microsatellites markers were used to evaluate genetic diversity and relationships among four native Algerian goat breeds. A total of 224 goats from Arbia breed (79), Mekatia breed (51), M'zabite breed (35) and Naine de kabylie breed (59) were analysed. A total of 450 alleles were observed, the mean number of alleles (MNA) across the breeds ranged from 12, 94 in the M'zabite (MO) breed to 16, 39 in the Arbia (AR) breed. The private alleles observed in the four goat breeds were 19 in the Mekatia (ME) breed, to 43 in the Naine de kabylie (NK) breed with a total of 118 private alleles. However, only 6 private alleles in (MO) had a frequency higher than 5%. The highest number of private alleles among breeds (17) was found in the (AR) breed. The mean number of alleles per locus was 25 and the effective number of alleles was 16, 73. The PIC values were 0, 93. The  $F_{IS}$  values were found to be from -0,061 to 0,179 and The  $F_{IT}$  value was in the range from -0,039 to 0,219. The Highest  $F_{ST}$  was 0,087, and the lowest was 0,018. All the studied breeds showed positive  $F_{IS}$  value 0,023, 0,077, 0,082 and 0,085 in NK, MO, AR and ME respectively. The average heterozygosity value for all loci studied was 0, 89 with  $H_o$  (0, 84) and  $H_e$  (0, 94). The shortest genetic distance (0, 0533) was between the M'zabite goat breed and the Arbia goat breed. Naine de Kabylie goat breed had the longest genetic distance from other goat breeds. This study indicates that the four studied Algerian native goat breeds are classified into distinct breeds with a good level of genetic diversity.

### **Keywords:**

Genetic diversity. Native Algerian Goats breeds, Microsatellites, Population genetic structure.

## XIIV. ملخص

استخدمت ثمانية عشر من السواتل الصغرى (microsatellites) لتقييم التنوع الجيني و العلاقة بين اربع سلالات من الماعز الجزائرية. تم تحليل 79 رأس ماعز من السلالة "عربية" (ARBIA), 51 من سلالة "مقاطية" (mekatia), 35 من السلالة "مزابية" (M'ZABITE) و 59 رأس من سلالة (NAINE DE KABYLIE (NK), في المجموع 224 رأس ماعز. اجمالا قد لوحظ 450 البيل, متوسط عدد الأليلات (MNA) بين السلالات يتراوح بين 12,94 للسلالة "مزابية" (MO) الى 16,39 للسلالة "عربية" (AR)

من بين ما مجموعه 118 من الاليلات الخاصة التي لوحظت في السلالات الاربع تراوحت من 19 أليل في السلالة "مقاطية" (ME), الى 43 أليل في سلالة (NK). بينما السلالة "مزابية" (MO) كان التردد اعلى من 5% مع 6 اليلات فقط. تم العثور على اعلى عدد من الاليلات الخاصة بين السلالات (17) في السلالة (AR), وكان متوسط عدد الاليلات لكل موضع 25 (Loci). وكان العدد الفعلي للأليلات 16,73.

كانت قيم PIC 0,93. وتراوحت قيم FIS ما بين (-0,061) الى (0,1779) اما قيمة Frr تراوحت بين (-0,039) و (0,219). ال FST الاعلى قدر ب (0,087) و الادنى كان (-0,018). جميع السلالات المدروسة سجلت قيمة FIS ايجابية 0,023, 0,077, 0,082 و 0,085 في السلالات NK, MO, AR و ME على التوالي.

القيمة المتوسطة لل Hétérozygotie لجميع المواضع (Loci) المدروسة هي 0,89 مع Ho (0,84) و He (0,94). المسافة الوراثية الاقصر (0,0533) كانت بين السلالة "مزابية" (MO) و "عربية" (AR). السلالة (NK) كانت صاحبة اكبر مسافة وراثية من بين جميع السلالات. هذه الدراسة تشير الى ان سلالات الماعز الجزائرية الاربع المدروسة تصنف في سلالات متميزة بمستوى جيد من التنوع الوراثي.

### الكلمات المفتاحية :

التنوع الجيني او الوراثي, سلالات الماعز الجزائرية الأصلية, السواتل الصغرى (Microsatellites), التركيبية الجينية (الوراثية) للمجموعة.