

UNIVERSITE SAAD DAHLAB DE BLIDA

Institut des Sciences Vétérinaires ISV-Blida1

THESE DE DOCTORAT

Spécialité : sciences vétérinaires

CARACTERISATION PHENOTYPIQUE ET GENOTYPIQUE DE LA RACE
HAMRA AU NIVEAU DE LA STATION ITELV DE SAÏDA

PAR

Ibrahim BELABDI

Devant le jury composé de :

R KAIDI.	Prof., Université SAAD DAHLAB – BLIDA	Président
N SAHRAOUI.	Prof., Université SAAD DAHLAB – BLIDA	Examinatrice
B KHIATI	Prof., Université de Tiaret	Examineur
M TAHERTI	MCA., l'université de Chlef	Examineur
M LAFRI.	Prof., Université SAAD DAHLAB – BLIDA	Directeur de thèse
A DASILVA. BLONDEAU	M.C., Université de Limoges France	Co-Directeur de thèse

Blida, Janvier 2020

RESUME

L'objectif global de nos travaux a été porté sur la caractérisation phénotypique et génétique de la race ovine algérienne Hamra sur la base des recommandations de la FAO (2012)[1].

La caractérisation phénotypique a été faite sur la base de trois axes principaux, et cela selon les recommandations de la FAO.

En premier, une caractérisation fine de traits morphologiques a été réalisée sur 91 individus adultes (72 femelles et 19 mâles) au niveau de la ferme de l'ITELV localisée à Saida sur les paramètres (21 quantitatifs et 15 qualitatifs) et l'estimation de 8 indices morphologiques de la race. Les résultats montrent que la race Hamra est une race à viande, de conformation moyenne, et présentant un haut dimorphisme sexuel pour toutes les variables quantitatives et indices étudiés avec un poids vif de 43.15 Kg et 71.57 et un index du poids de 136.75 et 215, 49 pour les femelles et les mâles respectivement. Pour la majorité des variables qualitatives étudiées, la race Hamra montre le descriptif comme suit ; la tête de couleur acajou foncé avec un profil de chanfrein droit, encolure droite, les cornes spiralées présents souvent chez les mâles et absents généralement chez les femelles, les oreilles petites et sont couramment semi-horizontales, la queue de texture fine et petite s'arrête au-dessus ou au niveau du jarret, La couleur de la toison blanche dont l'étendue est semi-envahissant avec la tête, le cou et les membres dégagés de couleur acajou foncé.

En deuxième lieu, l'analyse des données de reproduction enregistrées au niveau de la ferme pour les cinq campagnes successives allant de 2012 à 2016 et portant sur plus de 1000 naissances a montré un taux moyen de $79,37\% \pm 1,41$, $1,23 \pm 0,08$, $98,3\% \pm 7,29$, $7,82\% \pm 1,05$ et $22,59\% \pm 3,28$ pour les taux respectifs de fertilité, prolificité, fécondité, mortalité à la naissance et mortalité au sevrage. La régression logistique de mortalités des agneaux de la race Hamra entre la Naissance et le sevrage montrent que le sexe d'agneaux n'a pas des effets significatifs dans notre

étude alors que les autres facteurs (année, mode de naissance et poids à la naissance des agneaux, l'âge et poids des mères) le montre dont le mode de naissance était le facteur le plus influant avec un facteur de chance de survie de 2,56 et un OR de 3,56 pour les agneaux nés naissances simples par rapport au agneaux nés doubles.

Troisièmement, l'analyse finale dans cette partie a été porté sur plus de 1000 agneaux nés à la ferme de Saida durant sept compagnes allant de 2010 à 2016 ; le poids moyen à âge type et leurs écarts-types pour le poids à la naissance, à 30 jours, à 70 jours et à 90 jours ont été respectivement de $3,45 \pm 0,60$ Kg, $7,75 \pm 1,95$ Kg, $13,14 \pm 3,62$ Kg et $15,86 \pm 4,36$ Kg, et leurs vitesses de croissance entre la naissance et 30 jours, entre 30 et 70 jours, entre 70 et 90 jours et entre 0 et 90 jours ont été respectivement $143 \pm 5,7$ g, $148 \pm 7,9$ g, $135 \pm 6,8$ g et $137 \pm 4,6$ g. tous ces paramètres sont corrélés significativement et positivement entre eux.

La modélisation linéaire généralisée a montré l'influence de l'ensemble des facteurs étudiés sur le poids à la naissance avec une ordre d'importance ; mode de naissance, poids des mères à la lutte, l'année, sexe d'agneau, âge de la mère et le mois de naissance et un ordre d'hierarchie sur le gain moyen quotidien entre la naissance et le sevrage ; année, mode de naissance, poids de la mères, sexe d'agneau, âge de la mère et le poids à la naissance des agneaux.

Enfin la caractérisation génétique a été faite grâce à l'étude de la diversité génétique de la race Hamra en Algérie (ferme privés et fermes étatique) et la même race appelée Beni Ghil au Maroc. Nos résultats ont montré que Le coefficient de consanguinité F_{IS} était faible pour les trois populations et que la majorité des individus ont montrés un index de fixation négatif. L'indice de diversification F_{ST} par paire a montré une distance modérée entre la race Hamra des fermes pilotes et les deux autres populations ; race Hamra des ferme privées en Algérie et race Beni Ghil de Maroc avec un F_{ST} de 0,053 et 0,045 respectivement. Alors qu'aucune distance signalée entre ces deux dernières.

Notre analyse de l'ensemble des données qui a nécessité la réalisation d'un génotypage SNP à l'échelle du génome (Admixture, NetView et Chrompainter/finestructure, sPCA, segments d'IBD et les ROHs), faite pour ces trois populations,

montre bien que seuls les individus des fermes pilotes n'étaient pas homogénéisés et préservent au moins une partie de la spécificité génétique de la race. L'effectif réduit ainsi que l'homogénéisation génétique pour le cheptel privé observé remet en question l'intégrité de cette race locale, dont la conservation est d'une importance cruciale pour l'avenir du secteur de l'élevage de la race Hamra en Algérie.

Mots clés

Caractérisation phénotypique, diversité génétique, SNP, ovin, Hamra.

ABSTRACT

The overall objective of our work was the phenotypic and genetic characterization of the Algerian Hamra sheep breed based on FAO recommendations (2012).

Phenotypic characterization was done on the basis of three main axes, according to FAO recommendations.

First, a detailed characterization of morphological traits was carried out on 91 adult individuals (72 females and 19 males) at the ITELV farm located in Saida on the parameters (21 quantitatives et 15 qualitatives) and the estimation of 8 morphological indices of the breed. The results show that the Hamra breed is a meat breed, of medium conformation, and has a high sexual dimorphism for all quantitative variables and indices studied with a live weight of 43.15 Kg and 71.57 and a weight index of 136.75 and 215.49 for females and males respectively. For the majority of the qualitative variables studied, the Hamra race shows the description as follows; the dark mahogany head with a straight muzzle profile, straight neck, spiral horns often present in males and absent generally in females, small ears and are commonly semi-horizontal, the tail of fine and small texture stops above or at the hock level, the color of the white fleece whose extent is semi-invasive with the head, neck and legs cleared in dark mahogany color.

Second, an analysis of the reproductive data recorded at the farm level for the five successive years from 2012 to 2016 and covering more than 1000 births showed an average rate of $79,37\% \pm 1,41$, $1,23 \pm 0,08$, $98,3\% \pm 7,29$, $7,82\% \pm 1,05$ et $22,59\% \pm 3,28$ for the respective fertility, prolificity, fertility, birth mortality and weaning mortality rates. The logistic regression of Hamra lamb mortality between Birth and weaning shows that lamb sex does not have significant effects in our study, while the other factors (lamb year, birth pattern and birth weight, age and maternal weight) show that birth pattern was the most influential factor with a survival factor of 2.56 and a OR of 3.56 for lambs born single versus lambs born double.

Third, the final analysis in this section focused on more than 1000 lambs born on the Saida farm during seven seasons from 2010 to 2016; the average weight at, standard age and their standard deviations for birth weight at 30 days, 70 days and 90 days were 3.45 ± 0.60 Kg, 7.75 ± 1.95 Kg, 13.14 ± 3.62 Kg and 15.86 ± 4 respectively, 36 Kg, and their growth rates between birth and 30 days, between 30 and 70 days, between 70 and 90 days and between 0 and 90 days were 143 ± 5.7 g, 148 ± 7.9 g, 135 ± 6.8 g and 137 ± 4.6 g respectively. all these parameters are positively correlated with each other.

The generalized linear modelling showed the influence of all the factors studied on birth weight with an order of importance; birth mode, maternal struggle weight, year, lamb sex, maternal age and month of birth and a hierarchy order on average daily gain between birth and weaning; year, birth mode, maternal weight, lamb sex, maternal age and lamb birth weight.

Finally, genetic characterization was done through the study of the genetic diversity of the Hamra race in Algeria (private and state farms) and the same race called Beni Ghil in Morocco. Our results show that the F_{IS} inbreeding coefficient was low for all three populations and that the majority of individuals showed a negative binding index. The F_{ST} diversification index per pair shows a moderate distance between the Hamra breed of pilot farms and the other two populations; Hamra breed of private farms in Algeria and Beni Ghil breed of Morocco with an F_{ST} of 0.053 and 0.045 respectively. While no distance reported between the latter two.

Our analysis of the data set that required genome-wide SNP genotyping (Admixture, NetView and Chrompainter/ finestructure, sPCA, IBD segments and ROHs), made for these three populations, shows that only individuals from pilot farms are not homogenized and preserve at least part of the genetic specificity of the breed. The small size and genetic homogenization of the private livestock observed calls into question the integrity of this local breed, whose conservation is of crucial importance for the future of the Hamra breed breeding sector in Algeria.

Key words

Phenotypic characterization, genetic diversity, SNP, sheep, Hamra.

الملخص

كان الهدف العام لعملنا هو التوصيف المظهري والجيني لسلالة الاغنام الجزائرية الحمراء بناءً على توصيات الفاو (2012)

تم توصيف المظاهر على أساس ثلاثة محاور رئيسية، وفقاً لتوصيات الفاو

أولاً، تم إجراء وصف مفصل للسمات المورفولوجية على 91 فرداً بالغاً (72 إناث و 19 ذكور) في مزرعة الواقعة ولاية سعيدة صيدا وفقاً للمواصفات (21 كمية و 15 نوعية) وتقدير 8 مؤشرات مورفولوجية للسلالة. أظهرت النتائج أن سلالة الحمراء هي سلالة جيدة لإنتاج اللحم، ذات شكل متوسط، ولها تفاوت جنسي كبير لجميع المتغيرات والمؤشرات الكمية المدروسة بوزن حي قدره 43.15 كجم و 71.57 ومؤشر وزن يبلغ 136.75 و 215.49 للإناث والذكور على التوالي. بالنسبة لغالبية المتغيرات النوعية التي تمت دراستها يمكن وصف السلالة الحمراء على النحو التالي؛ رأس الماهو غوني الغامق ذو شكل كمامة مستقيمة، عنق مستقيم، قرون حلزونية غالباً في الذكور وتتغيب عمومًا في الإناث، أذان صغيرة وعادة ما تكون شبه أفقية، ويتوقف ذيل الرقيق والصغير فوق أو عند مستوى الثقب، لون الصوف ابيض الذي يغطي غالبية الجسم ما عدا الرأس والعنق والساقين ذوي اللون الماهوجني الداكن.

ثانياً، أظهر تحليل للبيانات الإنجابية المسجلة على مستوى المزرعة لمدة خمس سنوات متتالية من عام 2012 إلى عام 2016 وتغطي أكثر من 1000 مولود متوسط معدل 79.37 %، 1.23 ، 98.3 %، 7.82 % و 22.59 % للخصوبة المعنية ومعدلات الخصوبة ومعدلات الوفيات ومعدلات الوفيات عند الفطم. يظهر الانحدار اللوجستي لوفيات خروف الحمراء بين الولادة والقطام أن جنس الخروف ليس له آثار كبيرة في دراستنا، في حين أن العوامل الأخرى (سنة الحمل ونمط المواليد ووزن المواليد والعمر ووزن الأم) لها تأثير ونمط المواليد كان أكثر عامل مؤثر بعامل بقاء قدره 2.56 و OR من 3.56 للحمل المولودين وحيداً مقابل الحملان المولودين مزدوجاً.

ثالثاً، ركز التحليل النهائي في هذا القسم على أكثر من 1000 من الحملان المولودين في مزرعة سعيدة خلال سبعة مواسم من 2010 إلى 2016؛ كان متوسط الوزن والانحرافات المعيارية لوزن الولادة و 30 يوماً و 70 يوماً و 90 يوماً 3.45 ± 0.60 كجم و 7.75 ± 1.95 كجم و 13.14 ± 3.62 كجم و 15.86 ± 4 على التوالي و 36 كجم، ونموهم كانت المعدلات بين الولادة و 30 يوماً، وبين 30 و 70 يوماً، وبين 70 و 90 يوماً وبين 0 و 90 يوماً هي 5.7 ± 143 جم و 7.9 ± 148 جم و 6.8 ± 135 جم و 4.6 ± 137 جم على التوالي. كل هذه المعلمات مرتبطة بشكل إيجابي مع بعضها البعض.

أظهرت النمذجة الخطية المعممة تأثير جميع العوامل التي تمت دراستها على وزن الولادة حسب الترتيب الآتي؛ وضع الولادة، ووزن الأمهات، والسنة، والجنس الخروف، وعمر الأم وشهر الميلاد الخروف، وترتيب التسلسل الهرمي على

متوسط المكسب اليومي بين الولادة والفظام؛ السنة، وضع الولادة، وزن الأم، جنس الضأن، عمر الأم والوزن عند الولادة.

أخيراً، تم إجراء التوصيف الوراثي من خلال دراسة التنوع الوراثي لسلالة الحمراء في الجزائر (المزارع الخاصة والحكومية) ونفس العرق المسمى بني غيل في المغرب. تظهر نتائجنا أن معامل التقرب التزاوجي ضعيف لجميع السلالات الثلاثة المدروسة وأن غالبية الأفراد أظهروا مؤشراً سلبياً.

يظهر مؤشر ال تباعد الجيني ان السلالة الحمراء الموجودة في المزارع الحكومية تختلف جينياً مع اغنام المتواجدة في المزارع الفردية وسلالة بني غيل المتواجدة بالمغرب بمعامل يقرب 0.045 و 0.053 على التوالي.

في حين لا توجد مسافة جينية بين السلالة الموجودة لدى الخواصر وسلالة بني غيل في المغرب.

تحليلنا لمجموعة (NetView و Chrompainter /finestructure و PCA IBD و ROHs) البيانات التي تتطلب التنميط الجيني لهذه السلالات الثلاثة، يوضح أن أفراد المزارع التجريبية هم فقط غير المتجانسين ويحافظون على الأقل على جزء من الخصوصية الوراثية للسلالة. إن الحجم الصغير والتجانس الوراثي للقطيع الخاص يشك في سلامة هذا الصنف المحلي، الذي يعتبر الحفاظ عليه ذا أهمية حاسمة لمستقبل قطاع سلالات الحمراء في الجزائر

الكلمات الدالة

الأغنام ، الحمراء، SNP، التوصيف المظهري، التنوع الوراثي

REMERCIEMENTS

En tout premier lieu, je remercie le bon Dieu, tout puissant, de m'avoir donné la force pour survivre, ainsi que l'audace pour dépasser toutes les difficultés.

La réalisation d'une thèse n'est pas seulement un travail de longue haleine mais aussi une formidable expérience scientifique. Bien que délicate, l'écriture des remerciements est un élément indispensable pour témoigner ma profonde reconnaissance à toutes les personnes qui ont contribué de loin ou de près à la réalisation de ce travail.

Mes remerciements s'adressent à mes directeurs de thèse **Mr. LAFRI Mohamed**, Professeur de l'université de Blida en Algérie et **Mme. Anne DA SILVA BLONDEAU**, maître de conférences de l'université de Limoges en France.

Mes remerciements s'adressent à mon promoteur, professeur **LAFRI Mohamed** pour avoir accepté de diriger ce travail, assurer mon encadrement et mon accompagnement à la recherche scientifique et faciliter les tâches de prise de contacts et l'élaboration d'une convention de recherche avec l'université de Limoges en France.

Je suis ravi d'avoir travaillé en compagnie de Mme. Anne Da Silva Blondeau qui a su, par sa compétence en domaine de bio-informatique, statistique et génétique de population, de rendre la principale partie de cette thèse par publiable dans une revue scientifique impactée et indexée dans la revue Scientific Reports publiée par le groupe Nature Publishing. Sans oublier le côté humanitaire ; un grand merci pour l'accueil et le soutien dans le laboratoire de génétique moléculaire animale aussi pour l'amitié et l'hospitalité manifestés durant mes séjours à Limoges.

Je tiens à exprimer mes sincères remerciements aux membres du jury :

Mr R KAIDI, professeur à l'Institut des Sciences Vétérinaires de Blida 1, qui nous a fait l'honneur d'accepter la présidence de notre jury, Hommage respectueux.

Mlle **N SAHRAOUI**, professeur à l'Institut des Sciences Vétérinaires de Blida 1, Qui a acceptée de faire partie de notre jury de thèse et qu'elle trouve ici l'expression de nos profonds respects.

Mr **B KHIATI**, professeur à Institut vétérinaire de Tiaret, Qui nous a fait l'honneur de bien vouloir apporter ses compétences à notre jury. Salutations respectueuses.

Mr **TAHERTI**, maitre de confiance classe A à l'université Hassiba Benbouali de Chlef, pour avoir bien voulu examiner mon mémoire. Sincères remerciements.

J'exprime toute ma reconnaissance à tous ceux qui m'ont aidé à réaliser ce travail notamment : Dr Benali Ahmed Reda, Dr Benlaichi Djellali, Dr Baci Youcef (docteur vétérinaires praticiens), Mr Ould Ouelhadj Hakim (responsable de la ferme étatique Itelv de Saida) et à la fin Mr Gouthi Amine et Mr Daoudaoua Wafi pour leur précieuse assistance sur le terrain.

Je voudrais aussi à travers les lignes de cette page adresser un grand merci à tous mes confrères spécialement Mr Harkat Sahraoui, Mr Laoune Abasse, Mr Abdelli Amine, Mr Besbaci Mohamed et Mr Bekara Mohamed EL-Amine.

Il m'est impossible d'oublier mes étudiants en projets de fin d'étude ; Fettah Mohamed, Krouk Chawki et Bouzeroura Abdallah qui ont participé dans ce travail et qui ont ajouté de l'ambiance pour l'équipe.

Enfin, un très grand MERCI à toute ma famille qui m'a gratifié de son amour et fourni les motivations. Je leur adresse toute ma gratitude du fond du cœur.

DEDICACE

Au nom de Dieu le tout puissant et le très miséricordieux

Je dédie cette thèse en signe de reconnaissances,

A ceux auxquels je dois ma réussite. Aux personnes les plus chères dans ce monde, à mes parents, pour leur amour, leur dévouement et leur soutien tout au long de ces très longues années d'études. Qu'ils trouvent ici l'expression de ma gratitude.

A mes frères et mes sœurs.

A toute ma familles (BELABDI et BENMOUSSA).

A tous mes amis.

A tous ceux que je n'ai pas cités, tous ceux qui par leur présence à mes côtés était d'une valeur inestimable, ils se reconnaîtront, qu'il trouve et je l'espère, ici l'expression de mon immense affection.

TABLE DES MATIERES

INTRODUCTION	18
CHAPITRE 1 ETUDE DE LA DIVERSITE GENETIQUE	21
1.1. Diversité génétique	21
1.1.1. Mutation	22
1.1.2. Dérive génétique	22
1.1.3. Migration	23
1.1.4. Sélection	23
1.2. Notion d'espèce, de population et de race	24
1.3. Classification des populations animales domestiques	25
1.4. Caractérisation génétique moléculaire de la diversité génétique	26
1.4.1. Approches de mise en œuvre du polymorphisme	26
1.4.2. Support du polymorphisme	27
1.4.2.1 ADNmt	27
1.4.2.2. L'ADN du chromosome Y	28
1.4.2.3. ADN des chromosomes autosomiques	29
1.4.3. Marqueurs moléculaires nucléaires	29
1.4.3.1. Microsatellites	30
1.4.3.2. Polymorphisme de nucléotide simple (SNP : single nucléotide polymorphisme)	32
1.4.3.3. Polymorphisme de longueur des fragments d'amplification (AFLP : amplification fragment length polymorphism)	35
1.5. Indicateurs de la variabilité génétique	37
1.5.1. Fréquence allélique	37
1.5.2. Test de conformité à l'équilibre de Hardy-Weinberg	37
1.5.3. Indicateurs de la variabilité génétique au sein des populations	38
1.5.3.1. Diversité allélique	38
1.5.3.2. Taux d'hétérozygotie	38
1.5.3.3. Indice de polymorphisme des loci	38
1.5.3.4. Indicateurs de la variabilité génétique entre populations	39
1.5.3.4.1. Indices de diversité de Nei	39
1.5.3.4.2. F-statistiques de Wright	39
1.5.3.4.3. Distances génétiques	40
1.5.3.4.4. Méthodes bayésiennes pour inférer la structure de la population	41
CHAPITRE 2 : CARACTERISATION PHENOTYPIQUE DE LA RACE HAMRA	42
2.1. Présentation de la ferme de démonstration ITELV Ain El Hadjar	43
2.1.1 Choix du site	43
2.1.2. Situation et climat	43
2.1.3 Infrastructures de la ferme	44
2.1.4. Cheptel de la ferme	44
2.1.5. Conduite technique de l'élevage	45
2.1.6. Conduite alimentaire	46
2.1.7. Conduite de la reproduction :	46
2.2. Caractérisation morphologique de la race ovine Hamra d'Algérie	47
2.2.1. Introduction	47
2.2.2. Description de lieu et durée d'étude	48
2.2.3. Echantillonnage des animaux	48
2.2.4. Méthodes	48

2.2.4.1. Paramètres quantitatifs et qualitatifs	48
2.2.4.2. Indices morphologiques	49
2.2.4.3. Analyses statistiques	49
2.2.5 Résultats et discussion	52
2.2.5.1. Paramètres quantitatifs	52
2.2.5.2. Paramètres qualitatifs	56
2.2.5.3. Indices morphologiques	58
CONCLUSION	60
2.3. Paramètres de reproduction de la race Hamra au niveau de la ferme de démonstration de l'ITELV à Saida	62
2.3.1. Matériels et Méthodes	63
2.3.1.1. Description du lieu et durée d'étude	63
2.3.1.2. Gestion de troupeau	63
2.3.1.3. Paramètres étudiés	63
2.3.1.4. Analyse statistique	64
2.3.2. Résultats et discussion	65
2.3.2.1. Taux de fertilité (%)	67
2.3.2.2. Taux de prolificité	69
2.3.2.3. Taux de fécondité	70
2.3.2.4. Taux de mortalité	71
2.3.2.4.1. Taux de mortalité à la naissance (TMN)	73
2.3.2.4.2. Taux de mortalité présevrage TMS	74
2.3.2.4.3. Effet des facteurs (année, âge et poids de la mère, sexe, type de naissance et poids d'agneaux à la naissance) sur le TMNS	76
2.3.2.4.3.1. Année	78
2.3.2.4.3.2. Age de la mère	79
2.3.2.4.3.3. Poids de mère	81
2.3.2.4.3.4. Sexe de l'agneaux	82
2.3.2.4.3.5. Type de naissance	83
2.3.2.4.3.6. Poids d'agneau à la naissance	84
2.3.2.4.3.7. Régression logistique de taux de mortalité des agneaux entre la naissance et le sevrage	87
CONCLUSION ET RECOMMANDATIONS	90
2.4. Paramètres de production de la race Hamra au niveau de la ferme de démonstration de l'ITELV à Saida	92
2.4.1. Matériels et Méthodes	93
2.4.2. Analyse statistique	94
2.4.3. Résultats et Discussion	95
2.4.3.1. Aptitude de croissance moyenne des agneaux de la race Hamra	98
2.4.3.2. Corrélation entre les paramètres de croissance étudiés	101
2.4.3.3. Analyse univarié	103
2.4.3.3.1. Effet de l'année	103
2.4.3.3.2. Effet de l'âge de la mère	105
2.4.3.3.3. Effet de mode de naissance des agneaux	108
2.4.3.3.4. Effet de sexe des agneaux	110
2.4.3.4. Analyse multivariée	112
2.4.3.4.1. Modélisation linière généralisé (GLM) de poids à la naissance	112
2.4.3.4.2. Modélisation linière généralisé (GLM) du gain moyen quotidien au sevrage	115
CONCLUSION	118

CHAPITRE 03 : ETUDE DE LA DIVERSITE GENETIQUE DE LA RACE	120
HAMRA	
3.1. Matériels Et Méthodes	122
3.1.1. Énoncé d'éthique	122
3.1.2. Races	122
3.1.3. Plan d'échantillonnage	126
3.1.4. Génotypage et contrôle qualité des SNP	128
3.1.5. Analyse des données	129
3.1.5. 1. Diversité génétique, cycles d'homozygotie et segments d'identité par descendance (IBD)	129
3.1.5.2. Structure génétique	129
3.1.6. L'accessibilité des données	131
3.2. Résultats	132
3.2.1. Coefficients de consanguinité F_{IS}	132
3.2.2. Indice de diversification F_{ST} par paire	133
3.2.3. L'analyse ADMIXTURE	136
3.2.4. Structure génétique par NetView	138
3.2.5. Historique démographique des races	140
3.2.5.1. Cycles d'homozygotie (ROH)	140
3.2.5.2. Segment Identique Par Descente (segment Identical By Descent IBD)	144
3.2.6. Structure et diversité génétique par CHROMOPAINTER/ fineSTRUCTURE	146
3.2.7. Analyse génétique spatiale PCA	148
3.3. DISCUSSION	150
CONCLUSION	155
CONCLUSION GENERALE ET PERSPECTIVES	156
APPENDICE : A. Liste des symboles	160
B. RÉFÉRENCES	164

LISTE DES TABLEAUX.

Tableau 1.1 : Exigences techniques des marqueurs moléculaires.	30
Tableau 1.2: Caractéristiques des marqueurs moléculaires.	30
Tableau 1.3 : Fréquences des principaux types de microsatellites chez les mammifères	32
Tableau 1.4 : caractéristiques des marqueurs STR et SNP.	33
Tableau 2.5 : Effectifs par catégories de la race ovine Hamra à la station de l'ITELV de Saida en 2017.	45
Tableau 2.2: Paramètres quantitatifs pris en considération dans la caractérisation morphologique (21 variables) de la race Hamra.	50
Tableau 2.3 : Paramètres qualitatifs pris en considération dans la caractérisation morphologique (15 variables) de la race Hamra	51
Tableau 2.4 : indices morphologiques	51
Tableau 2.5. Moyenne, erreur standard moyenne (ESM) et coefficients de variances (CV) pour les caractères quantitatifs enregistrés chez les ovins de la race Hamra.	52
Tableau 2.6 ; classification des principales publications récentes sur la caractérisation des races ovine algériennes sur la base de variables ; PV et HG.	55
Tableau 2.7 : Fréquence en (%) de chaque modalité pour les caractères Qualitatifs enregistrés chez les ovins de la race Hamra.	56
Tableau 2.8 : Moyennes, erreur standards (ESM) et coefficient de variance (CV) des indices morphologiques chez les femelles et les mâles de la race Hamra.	58
Tableau 2.9 : tableau descriptif des données de paramètres de reproduction	65
Tableau 6.10 : Tableau des paramètres de reproduction étudiés.	66
Tableau 2.11: Effet des facteurs (année, Age et poids de la mère, sexe, type de naissance et poids d'agneaux à la naissance) sur le TMENS.	77
Tableau 2.12 : Effet des facteurs (année, âge et poids de la mère, mois de naissance, sexe et mode de naissance) sur l'évolution pondérale jusqu'au sevrage des agneaux de la race Hamra au niveau de la ferme étatique de Saida.	96
Tableau 2.13: Effet des facteurs (année, âge et poids de la mère, mois de naissance, sexe et mode et poids à la naissance) sur le gain quotidien moyen jusqu'au sevrage des agneaux de la race Hamra au niveau de la ferme étatique de Saida.	97
Tableau 2.14 : Tableau de corrélation entre les paramètres de croissance des agneaux de la race Hamra.	102
Tableau 2.15 : GLM de poids des agneaux de la race Hamra à la naissance	113
Tableau 2.16 : Résultat de GLM de gain moyen quotidien entre la naissance et le sevrage des agneaux de la race Hamra.	116
Tableau 3.1 : Détails des races ovines algérienne et marocaine.	124
Tableau 3.2 : échantillons.	127
Tableau 3.3 : coefficient de consanguinité F_{IS} .	133
Tableau 3.4 : F_{ST} par paire entre races algérienne et marocaine.	135
Tableau 3.5 : La consanguinité génomique dérivée de la couverture de ROH (F_{ROH}) en considérant les races ovines algériennes et marocaines.	142
Tableau 3.6 : Analyse des segments des IBD (nombre et longueur).	145

LISTE DES FIGURES

Figure 1.1 : Structure du chromosome Y	28
Figure 1.2: Evolution du taux de variation génétique d'une population en fonction de la taille effective	34
Figure 1.3: Etapes de l'AFLP	36
Figure 2.4 Bélier de la race Hamra	61
Figure 2.5 : Brebis de la race Hamra	61
Figure 2.3 ; Effet de l'année sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage chez la race Hamra dans la ferme d'ITELV de Saida	78
Figure 2.4 : Effet de l'âge de la mère sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage chez la race Hamra dans la ferme d'ITELV de Saida	79
Figure 2.5 : Effet du poids de la mère sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage chez la race Hamra dans la ferme d'ITELV de Saida	81
Figure 2. 6 : Effet de sexe sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage chez la race Hamra dans la ferme d'ITELV de Saida	82
Figure 2.7 Effet de type de naissance sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage chez la race Hamra dans la ferme d'ITELV de Saida	83
Figure 2.8 : Effet de poids des agneaux à la naissance sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage chez la race Hamra dans la ferme d'ITELV de Saida	85
Figure 2.9 : forest model de la régression logistique des TMNS des agneaux de la race Hamra selon ; année, âge et poids de la mère, mode et poids à la naissance d'agneau	88
Figure 2.10 : Evolution pondérale moyenne des agneaux de la race Hamra	98
Figure 2.11 : Gain Moyen Quotidien moyen des agneaux de la race Hamra	99
Figure 2.12 : <i>Effet de l'année sur l'évolution pondérale des agneaux de la race Hamra</i>	103
Figure 2.13 : Effet de l'année sur le gain quotidien moyen des agneaux de la race Hamra	104
Figure 2.14 : <i>Effet de l'âge de la mère sur l'évolution pondérale des agneaux de la race Hamra</i>	105
Figure 2.15 : <i>Effet de l'âge de la mère sur le GMQ des agneaux de la race Hamra</i>	106
Figure 2.16 : <i>Effet de mode de naissance sur l'évolution pondérale des agneaux de la race Hamra</i>	108
Figure 2.17 : <i>effet de mode de naissance sur le GMQ des agneaux de la race Hamra</i>	109
Figure 2.18 : Effet de sexe sur l'évolution pondérale des agneaux de la race Hamra	110
Figure 6: Effet de sexe sur le GMQ des agneaux de la race Hamra	111
Figure 2.20 : <i>test d'égalité des variances pour le poids à la naissance</i>	114
Figure 7 : <i>vérification de la normalité du test pour le poids à la naissance</i>	114
Figure 2.22 : <i>test d'égalité des variances pour le GMQ 0-90</i>	117
Figure 8: <i>vérification de la normalité du test pour LE GMQ 0-90</i>	117
Figure 3.1 : Répartition des races maghrébines considérées autour de leur berceau telle que décrite par [2] pour l'Algérie et par (Boujenane et al. 1995) pour le Maroc	123
Figure 3.2 : graphique de voisinage basé sur la distance génétique F_{ST}	136

- Figure 3.3 : Clustering bayésien réalisé avec le logiciel ADMIXTURE sur moutons marocains et algériens. K = nombre de grappes 137
- Figure 3.4 : Graphiques réciproques des plus proches voisins obtenus à partir de NetView et considérant les valeurs k suivantes : k=15 a), k=25 b), k=75 c) et k=100 d). Les nuances de couleur représentent différentes races 139
- Figure 3.5 : Des cycles d'homozygotie (ROH) identifiés pour les races ovines marocaines et algériennes. Le nombre de ROH trouvé pour chaque génome individuel (axe des y) est représenté par rapport à la taille totale des ROH (c'est-à-dire le nombre de Kb couverts par ROH dans chaque génome, axe des x) ; a) races dans lesquelles la longueur des ROH était proche de zéro, b) autres races 141
- Figure 3.6 : Classification du ROH en sept catégories (axe des x) selon la taille (de 1 à 5 Mb à plus de 30 Mb) et la somme moyenne du ROH (axe des y, mesurée en kilobases) au sein de chaque catégorie de ROH et moyenne par race 143
- Figure 3.7. Clusters FineSTRUCTURE pour les races ovines algérienne et marocaine. La couleur de chaque cellule de la matrice indique le nombre de "morceaux génomiques" copiés d'un donneur (colonne) vers un individu receveur (ligne). 147
- Figure 3.8. Analyses sPCA spatiale des races ovines algérienne et marocaine a) ; valeurs propres pour chaque axe global et local (les valeurs propres positives et négatives indiquent respectivement les structures globales et locales) b) ; premier score global du sPCA c) ; deuxième score global du sPCA d). 149

INTRODUCTION

L'Algérie est un pays de mouton, en effet l'élevage ovin constitue une véritable richesse nationale pouvant être appréciée à travers son effectif élevé qui est plus de 28 millions de têtes qui permet à l'Algérie d'occuper la 12^{ème} place au classement mondial établi par la FAOSTAT 2017 [4]. En plus, l'élevage ovin revêt un intérêt économique, social et environnemental important dans l'ensemble du pays et participe dans plus de 60 % dans l'approvisionnement du pays en viande rouge [5] offrant ainsi une réserve financière considérable. Cette diversité génétique de ressources ovines se compose de plusieurs races bien adaptées à leurs milieux, parmi les huit races majeures, Ouled- Djellal, Hamra, Rembi, Sidaoun, D'men, Berbère, Barbarine, Taadmit, la préférence des éleveurs pour l'Ouled-Djellal peut être considérée comme une pression forte qui tend à homogénéiser le cheptel ovin algérien et même à remplacer certaines races dans leur propre berceau par l'Ouled-Djellal [6], [7]

La situation est ainsi devenue critique et met en péril l'existence des autres races ovines qui sont délaissées et/ou soumises à des pratiques de croisements avec la race dominante.

La Hamra est tout particulièrement menacée par ces pratiques. Premièrement, sa localisation géographique a été largement réduite, en effet son rayon d'expansion qui été limité au Nord-Est par le Chott Chergui, à l'Ouest par la région d'El Aricha-Sebdou (frontalière Algéro-Marocaine) et au Sud par les monts des Ksours (Atlas saharien). C'est à dire, il concerne les wilayates steppiques d'El Bayadh, Naama, Saïda, Tlemcen et Sidi Bel Abbès [2], n'est situé en 2003 qu'à l'ouest de Saida et les limites des zones sud de Naama [8].

Deuxièmement, même l'effectif de cette race ne cesse de régresser. Car, celui-ci qui était évalué à 6 millions de têtes en 1969 [9] et à plus de 2.500.000 têtes dans les années 80 [2] est fortement diminué à environ 60.000 têtes en 2003 [8]. En plus

elle n'existe en état pure qu'aux niveaux des institutions étatiques de préservation I.T.ELV, CNIAAG et les éleveurs conventionnés avec l'ITELV [10].

Donc La race Hamra est soumise à **un haut risque d'extinction** et cela malgré ces bonnes performances ; C'est une excellente race à viande (tendre et savoureuse), connue par la finesse de son ossature et la rondeur de ses lignes (Gigots et cotes) [2], [9], [11]. En plus la race Hamra est une race locale indigène autochtone rustique et particulièrement adaptée aux conditions climatiques des parcours plats de la steppe de l'Ouest et à son vent glacial "El Gharbi " et ses fortes chaleurs estivales [2], [11], [12].

Donc pour faire face à ce **haut risque d'extinction** de la race Hamra qui constitue un héritage culturel et un patrimoine génétique national, les pouvoirs publics viennent de lancer des programmes de préservation et conservation selon les directives de la FAO [13], [14] tout en se basent sur la caractérisation phénotypique (morphométrique, paramètres de productions et de reproductions) et la caractérisation génétique de la race Hamra.

C'est dans ce contexte que s'inscrit notre travail qui a comme **objectif global** la caractérisation phénotypique et génétique de la race Hamra, afin d'utiliser ces résultats comme des données de base solides et actualisées pour l'amélioration génétique de la race Hamra et l'élaboration d'une stratégie efficace de la préservation de cette race située dans un niveau **d'extinction élevé**.

Pour cela, nous avons effectués une recherche bibliographique qui explique les notions et les méthodes utilisées pour décrire la diversité génétique dans une population donnée. Et une partie expérimentale composée de deux chapitres ; le premier concerne la caractérisation phénotypique de la race Hamra sur le volet morphologique, paramètres de production et de reproduction au niveau de la ferme étatique de l'ITELV de Saida, le deuxième chapitre examine la diversité génétique de la race Hamra dans un contexte maghrébin.

Les **objectifs** de cette étude sont déclinés comme suit :

Une caractérisation fine et actualisée de la race Hamra élevée dans la ferme étatique d'institut technique d'élevage (ITELV) de Saida avec des traits morphologiques quantitatifs (21 variables) et qualitatifs (15 variables) selon la recommandation de la FAO [13], [14] et les indices morphologiques de SALAKO (2006) [15].

L'estimation des paramètres de reproduction des brebis de la race Hamra au niveau de la station de démonstration de Saida à savoir ; la fertilité, la prolificité, la fécondité, le taux de mortalité à la naissance et le taux de mortalité au sevrage).

Etude de l'effet de quelques facteurs ; année, âge et poids de la mère, mode, sexe et poids à la naissance des agneaux sur le taux de mortalité des agneaux entre la naissance et le sevrage.

Estimation des paramètres de production de la race Hamra au niveau de la station de démonstration de Saida à savoir ; le poids des agneaux à différents âges et le gain moyen quotidien jusqu'au sevrage).

Etude de l'effet de quelques facteurs ; année et mois de naissance, âge et poids de la mère, mode, sexe des agneaux sur l'évolution pondérale et le gain moyen quotidien des agneaux au sevrage).

L'étude de la diversité génétique de la race Hamra dans son contexte maghrébin pour évaluer son statut génétique (préservé ou homogénéisé) par rapport aux des races locales.

CHAPITRE 1

ETUDE DE LA DIVERSITE GENETIQUE

1.1. Diversité génétique

La diversité génétique se réfère à la variation des gènes au sein des espèces, c'est à dire la variation héritable dans et entre les populations d'organismes. Au final, toute variation réside dans la séquence des quatre paires de bases qui composent la molécule d'ADN, et comme tels constituent le code génétique. D'autres types de diversité génétique peuvent être également identifiés à tous les niveaux d'organisation dans le noyau, y compris la quantité d'ADN par cellule, le nombre de chromosomes et la structure de l'ADN [16].

La diversité génétique des espèces est le résultat des processus démographiques et adaptatifs qui conditionnent leur évolution en modifiant les fréquences alléliques à l'échelle des populations [17].

L'étude de la diversité génétique a connu une forte progression ces dernières années avec le développement des techniques de la biologie moléculaire. Elle mesure le niveau de similarité ou de différences dans la composition génétique des individus et des populations à partir de différentes sources d'information phénotypiques ou moléculaires [18].

Le niveau de diversité génétique des populations et des variations dépend de l'action respective des quatre forces évolutives pouvant interagir les unes avec les autres : la mutation, la sélection, la migration et la dérive génétique. Les interactions de ces forces évolutives constituent le moteur de l'évolution des êtres vivants [17].

1.1.1. Mutation

Le terme mutation est utilisé pour désigner une modification irréversible de l'information génétique. La mutation peut survenir aléatoirement au cours de la réplication de l'ADN (Acide Désoxyribonucléique) mais peut aussi être due à des agents mutagènes physiques, chimiques ou biotiques. Donc le phénomène de mutation est la source fondamentale de variation génétique et correspond à un changement héréditaire dans le matériel génétique de l'organisme (quand elle touche l'ADN des cellules germinales) qui font apparaître de nouveaux allèles, auxquelles il faut ajouter les phénomènes de recombinaison, notamment pour les caractères quantitatifs. Les mutations peuvent affecter une portion plus ou moins grande d'ADN et, en fonction de leur localisation dans le génome, peuvent avoir ou non des effets phénotypiques. Il existe ainsi tous les intermédiaires entre les mutations neutres qui n'ont aucun effet sur l'organisme et les mutations létales, qui réduisent l'espérance de vie des individus [16].

1.1.2. Dérive génétique

La variabilité génétique au sein des populations naturelles est influencée par des événements déterministes (mutations, sélection, flux géniques) et par des événements stochastiques telle que la dérive génétique. Il s'agit de fluctuations aléatoires des fréquences d'allèles à chaque génération résultant de la taille des populations et du nombre de générations. La fluctuation de la fréquence des allèles avec le temps devient non négligeable si la taille de la population est petite ou si le nombre de générations est important [16].

La dérive génétique peut aboutir à l'élimination ou à la fixation d'un allèle pour tous les individus de la population. Les chances de fixation ou d'élimination d'un allèle dépendent évidemment de sa fréquence dans la population. Plus il est fréquent, plus il aura de chances d'être fixé tandis que plus l'allèle est rare, plus il sera sujet à l'élimination [19]. Contrairement aux mutations, la dérive génétique aura tendance à réduire la diversité génétique.

1.1.3. Migration

En génétique des populations, la migration se réfère au mouvement de gènes entre populations [20]. La migration limite, selon son intensité, la divergence génétique entre populations engendrée par l'effet de la dérive génétique [21]. Les flux géniques sont le résultat de la contribution génétique d'une population migrante sur la future génération de la population réceptrice. Ils ont pour effet l'augmentation de la richesse allélique pour les populations qui reçoivent ces migrants. A long terme, lorsque les flux de gènes sont réciproques d'une population à une autre, les fréquences alléliques entre populations s'homogénéisent [22] induisant une réduction de la différenciation génétique. L'homogénéisation est d'autant plus forte que les flux de gènes sont importants.

1.1.4. Sélection

La sélection naturelle est le concept de base de la théorie Darwinienne de l'évolution. Selon Charles Darwin, les individus les mieux adaptés à un environnement, sont les plus aptes à survivre et à se reproduire dans cet environnement. Ils transmettront mieux leurs gènes à la génération suivante. Cette participation différentielle des génotypes va modifier la fréquence des allèles impliqués et donc faire évoluer la structure génétique des populations au cours des générations, il s'agit de microévolution. Ce "tri" des "meilleurs" génotypes sur la base de leur valeur phénotypique a pour résultat une meilleure adaptation des populations à leur environnement. C'est cette adaptation qui pourrait jouer un rôle clé dans la survie de la population malgré que d'autres processus puissent interférer [16], [23].

Quant à la sélection artificielle, elle est exercée par l'homme sur les espèces domestiques et cela, sans doute, depuis les débuts de la domestication. Contrairement à la migration et à la dérive génétique qui affectent l'ensemble du génome, la sélection n'agit que sur certains loci, et sur leur voisinage direct (locus liés physiquement et/ou fonctionnellement).

1.2. Notion d'espèce, de population et de race

L'espèce (du latin *species*, « type » ou « apparence ») est le taxon de base de la systématique. La définition la plus communément citée est celle du concept biologique de l'espèce énoncé par Ernst MAYR (1942) dans [24] : « Les espèces sont des groupes de populations naturelles, effectivement ou potentiellement interfécondes, qui sont génétiquement isolées d'autres groupes similaires »[25]. À cette définition, il a ensuite été rajouté que cette espèce doit pouvoir engendrer une progéniture viable et fécondable. Ainsi, l'espèce est la plus grande unité de population au sein de laquelle le flux génétique est possible dans des conditions naturelles, les individus d'une même espèce étant génétiquement isolés d'autres ensembles équivalents du point de vue reproductif [26].

Selon VERRIER *et al.* (2001,) [27], une population est un ensemble d'individus de la même espèce, vivant sur un territoire, se reproduisant effectivement entre eux. L'isolement géographique et la spéciation sont les principaux phénomènes responsables de la création de différentes populations pour une même espèce, sans oublier l'action de l'homme par l'exercice de la sélection. Très tôt dans l'histoire de la domestication, on voit apparaître l'idée de n'élever que les animaux les plus adaptés aux besoins humains et de les faire reproduire entre eux. La très large diversité des milieux dans lesquels ces animaux ont été élevés et les multiples utilisations auxquelles les destinait l'homme (production de viande, lait, œuf, cérémonie, etc.), ont conduit les espèces d'élevage au travers de voies d'évolution multiples. L'homme a alors tenté de regrouper les animaux domestiques en unités de référence nommées « races » qui permet à la population d'acquérir une apparence et des capacités nettement différentes de celles des autres races.

Dans les pays développés, les races sont définies par un standard (ensemble de normes phénotypiques), par l'utilisation des livres généalogiques et par l'existence d'associations d'éleveurs officielles souvent soutenues par la législation. Par contre, Le terme est maintenant largement utilisé dans les pays en développement, mais il a tendance à se référer à un concept socio-culturel plutôt qu'à une entité physique distincte. Par conséquent, l'utilisation de ce terme dans les pays en développement, où sont situées la plupart des populations d'animaux d'élevage traditionnelles et locales du monde, est différente de son utilisation dans les pays développés

puisqu'ils utilisent ce terme moins rigoureusement et identifient davantage les races en fonction de la localisation géographique, l'appartenance ethnique et les traditions des éleveurs que par les caractères phénotypiques des animaux [28].

1.3. Classification des populations animales domestiques

une classification des populations animales domestiques en tant que ressources génétiques a été proposée par LAUVERGNE (1982) [29] et complétée par AUDIOT (1995) [30]. Son principe est de décrire les différents types de populations issues de la domestication d'une espèce sauvage en tenant compte des notions de génétique des populations, de génétique quantitative, aussi d'histoire et de sociologie. Ce principe permet de distinguer quatre catégories de populations animales [31] :

La population traditionnelle : principalement locale ; sa structure génétique est influencée par des forces évolutives telles que la mutation, la migration, la sélection, le système d'accouplement ainsi que sa taille. Elle se caractérise en outre par une importante variabilité morphologique, dans un système d'élevage encore dépendant du milieu.

La race standardisée : elle est dérivée de la population traditionnelle grâce à une communauté d'éleveurs qui s'appuient sur une liste reconnue de descripteurs de race (notion de standard) et donc présente moins de diversité phénotypique. Elle est très souvent sujette à des effets fondateurs et de dérive génétique potentiellement importants. La migration est limitée et les généalogies sont très suivies.

La lignée sélectionnée : elle est dérivée des races standardisées ou des populations traditionnelles grâce à une approche de sélection avec l'utilisation de méthodes de génétique quantitative. La gestion de la population fait appel à des paramètres économiques et le système de production est souvent intensif. La consanguinité augmente et en raison de la haute intensité de sélection, des problèmes liés à la réduction de la variabilité génétique peuvent apparaître.

La lignée consanguine : la lignée consanguine est issue des appariements d'individus apparentés se ressemblant génétiquement. Elle est à un niveau ultime

de « différenciation » d'une population avec perte de variabilité pour la fixation d'une caractéristique ou d'un ensemble de caractéristiques. Produite dans un contexte essentiellement expérimental, la lignée consanguine peut représenter l'asymptote de variabilité minimale vers laquelle va tendre une lignée intensément sélectionnée

1.4. Caractérisation génétique moléculaire de la diversité génétique

La caractérisation de la variabilité génétique fait appel à différentes sources d'information historique, phénotypique et moléculaire[32]. Les instruments, les techniques et les méthodes récemment développés (notamment et fortement la caractérisation moléculaire) peuvent fortement renforcer la quantité et la qualité de l'information obtenue dans les activités de caractérisation des races et de leurs systèmes de production.

La caractérisation génétique moléculaire, suivant la matrice d'ADN employée (nucléaire ou extranucléaire), pourrait répondre à plusieurs questions entre autres à celles en relation avec les lieux de domestication et l'origine des animaux domestiques, l'histoire d'évolution des espèces et des races au fil du temps, les localisations géographiques de populations particulières et/ou de mélange génétique entre les populations d'origines génétiques différentes, la diversité génétique intra race et entre races, les méthodes de la conservation des populations et l'amélioration génétique [33], [34].

1.4.1. Approches de mise en œuvre du polymorphisme

Le polymorphisme est une condition indispensable à la survie des espèces dans des environnements en perpétuel changement [35]. Plusieurs approches permettent de mettre en évidence le polymorphisme avec des limites relatives à chacune suivant les marqueurs employés. Les approches qui se basent sur les marqueurs morphologiques (couleur, forme, taille) et les marqueurs protéiques (Groupes sanguins, variants électrophorétiques de protéines de sang ou de lait) ne reflètent pas le polymorphisme génomique puisque, d'une part, Le polymorphisme des gènes est toujours plus élevé que celui observable au niveau des produits de

gènes et d'autre part, ces approches réduisent le champ d'investigation du moment où seulement 5% d'ADN génomique est codant [33], [36]. Les approches basées sur les marqueurs moléculaires surtout avec l'avènement des nouvelles technologies de biologie moléculaire (PCR, Séquençage) restent les méthodes les plus efficaces pour la mise en évidence du polymorphisme génétique [34], [36].

1.4.2. Support du polymorphisme

Deux formes d'ADN, Chez les organismes d'animaux supérieurs, sont distinguées : L'ADN nucléaire et l'ADN extranucléaire retrouvé dans les mitochondries. Les marqueurs de polymorphisme sont des séquences d'ADN non codant de l'ADN mitochondriale (ADNmt), de l'ADN autosomique ou de l'ADN du chromosome Y [34].

1.4.2.1 ADNmt

Les mitochondries sont présentes dans toutes les cellules des animaux sauf les hématies. Leur nombre varie de cinquantaine à plusieurs centaines de milliers d'unités par cellules [37], [38]. Les mitochondries des embryons sont héritées entièrement, suivant une hérédité cytoplasmique, de leurs mères vu que le peu des mitochondries apportés par les spermatozoïdes est rapidement dégradé lors de la fécondation [37] et chaque organite peut contenir 2 à 10 copies d'ADNmt [38].

L'ADNmt, ADN haploïde et circulaire, est dominé par l'ADN codant avec une proportion de 94% du génome mitochondriale. La région de contrôle D-loop (boucle de duplication), région d'ADN non codant, est hypervariable avec un taux de mutation de 2 à 10 fois supérieur au reste de l'ADN mitochondrial. L'ADNmt est uniparental maternel et très abondant par cellule, ne subissant pas de recombinaison par crossing-over lors de la méiose (chromosome haploïde) avec un taux de mutation élevé de la région non codante [37], [39].

Les variations dans l'ADNmt permettent d'établir les relations entre les races d'animaux domestique, leurs origines maternelles et leur site de domestication ; ainsi que l'analyse des anciens ADNmt permet de contribuer à reconstituer l'histoire des bétails et de calculer la taille des populations anciennes [33], [34], [37].

1.4.2.2. L'ADN du chromosome Y

Le chromosome Y ou chromosome sexuel, présent uniquement chez les mâles, est de petite taille comparé au reste des chromosomes du génome [37], [40] et pauvre en gènes [41].

Il est formé de deux parties distinctes, PAR1 et PAR2 appelées régions pseudo-autosomiques [37], [40], [41], séparées par une région riche en séquences dite région non recombinante (NRY : non recombining region of Y chromosome) [37], [40]. La PAR1, localisée sur le bras distal du chromosome, subit une recombinaison obligatoire lors la première division de la méiose avec la partie distale du bras supérieur du chromosome [37], [41]. (Figure1.1).

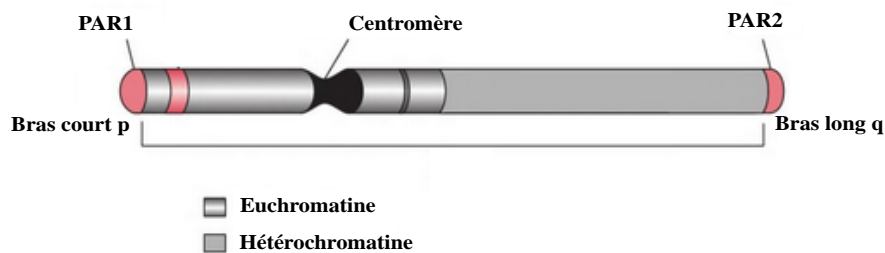


Figure 1.1: Structure du chromosome Y [42].

La région NRY est la majeure partie du chromosome Y [41], elle n'a pas d'homologue, échappe à la recombinaison [37], [40]. Tous les gènes de cette région, entre autres le gène de déterminisme du sexe mâle SRY (sex region Y chromosome) [40], sont en déséquilibre de liaison et sont intégralement transmis aux enfants [37], [40]. Le chromosome Y est l'équivalent à l'ADN mt, ses gènes sont haploïdes [37], [41] alors que les gènes des ADNmt sont polyplœides. Il a un taux de mutation nettement inférieur (2 et 1) et dépend de l'âge de l'individu [41].

La NRY est principalement composée de STRs (microsatellites) et de SNPs, intéressante pour les études de la génétique des populations et l'évolution, l'identification des haplotypes, l'appréhension de l'histoire biologique des lignées

paternelles [34], [37], [41]. L'ADN du chromosome Y, par rapport à l'ADN autosomique, a un niveau élevé de motifs de répétition avec faible polymorphisme, ça qui a limité le développement des marqueurs du chromosome Y. Les haplotypes du chromosome Y ont été déterminés chez les ovins, les caprins et les chevaux par l'utilisation des marqueurs SNPs et par les STRs chez les bovins [34].

1.4.2.3. ADN des chromosomes autosomiques

Les chromosomes autosomiques suivent une hérédité biparentale et sont le siège de multitude recombinaisons aux cours des divisions cellulaires, ce qui reflète l'importance de leur polymorphisme. Plusieurs marqueurs moléculaires sont octroyés dans les études de la diversité génétique, les constructions phylogéniques, l'identification des individus et de leurs origines à l'instar des AFLPs, les STRs et les SNPs pour plusieurs espèces animales d'élevage a été recommandés par la FAO pour l'étude de la diversité inter et intra race. La fiabilité de ces marqueurs varie selon l'espèce et les objectifs espérés [34].

1.4.3. Marqueurs moléculaires nucléaires

Plusieurs marqueurs moléculaires nucléaires sont utilisés dans la mise en évidence du polymorphisme génétique, leur importance dépend de leur faisabilité et de leur fiabilité qui varient suivant le domaine de recherche et les objectifs ciblés ainsi que les coûts qui en découlent (Tableau 1.1 et Tableau 1.2). Les marqueurs moléculaires nucléaires les plus utilisés dans l'étude du polymorphisme génétique des animaux d'élevage sont les microsatellites, les SNP et AFLP [13], [33], [34], [43], [44].

Tableau 1.1 : Exigences techniques des marqueurs moléculaires [45].

Nom du marqueur	Enzyme de restriction	PCR	Amorces spécifiques	Gel
RFLP	+	-	-	+
PCR-RFLP	+	+	+	+
RAPD	-	+	-	+
AFLP	+	+	-	+
STR	-	+	+	+
SNP	-	+	+	+/-

RFLP: restriction fragment length polymorphism; **RAPD**: random amplified polymorphic DNA; **AFLP**: amplified fragment-length polymorphism, PCR; *polymerase chain reaction*, STR, short tandem repeat, SNP, single nucleotide polymorphism

Tableau 1.2: Caractéristiques des marqueurs moléculaires (Vignal et al., 2002)

Nom du marqueur	Capacité développement	Capacité de génotypage	Reproductibilité	Précision ²
RFLP	Elevé	Elevé	Elevé	Très élevé
PCR-RFLP	Elevé	Médium	Elevé	Très élevé
RAPD	Très faible	Très faible	Faible	Très faible
AFLP	Faible	Très faible	Elevé	Médium
STR	Elevé	Faible	Elevé	Elevé
SNP	Elevé	Variable	Elevé	Très élevé

1.4.3.1. Microsatellites

Les microsatellites, dits aussi SSR (répétitions de séquences simples) ou STR (séquences répétées en tandem), sont de courtes séquences d'ADN dans les

séquences intergéniques [43] représentant un motif répété en tandem de 1 à 6 nucléotides [38], [46]–[49] et repérés toutes les 10^6 pb [36]. La structure des motifs est variable (Tableau 1.3), il peut être mononucléotique $(A)_n$ dinucléotidiques $(CA)_n$, trinucleotidiques $(CAT)_n$ ou quadrinucleotidiques $(CAGT)_n$, où n représente le nombre de répétition [38], [43], [46] et peut varier de 5 à 40 [49] suivant l'allèle, l'individu et l'espèce [43], [47] et aussi en fonction de la longueur du microsatellites, plus le nombre de motif augmente plus le dérapage répliatif augmente [43]. Les microsatellites dinucléotiques sont plus fréquents chez de nombreuses espèces [47], [49].

Les microsatellites ont un taux de mutation plus élevé qui peut varier de 10^{-2} à 10^{-6} par locus par génération [38], [47]–[50]; un taux de 2×10^{-3} par locus par génération a été rapporté par HELLBORG (2004) [41]. Ce taux élevé de polymorphisme est dû à des erreurs de répliation de l'ADN par glissement et dérapage de l'ADN polymérase (Dérapage répliatif) [34], [47] ou des recombinaisons entre les brins d'ADN des chromosomes homologues [47].

Plusieurs applications des microsatellites ont été rapportées par littérature. Les marqueurs STR permettent, par le calcul du facteur de fixation F_{ST} et l'analyse de variance moléculaire (AMOVA) d'évaluer la diversité génétique et sa distribution dans les populations ; de mettre en évidence des relations génétiques, par l'estimation des distances génétiques entre les populations étudiées suivant différentes approches telles que la distance de Nei et de Cavalli-Sforza; la reconstitution phylogénique par la méthode de «neighbour-joining»; la reconstitution des groupes de populations par l'analyse de mélanges de données microsatellites (analyse multidimensionnelle et approches de regroupement bayésien) et de mettre en évidence l'origine, les mouvements et l'évolution de la diversité génétique du moment où les données de génétique moléculaire peuvent être associées aux données issues d'autres sources par exemple source archéologique, source anthropologique [13], [34].

Tableau 1.3 : Fréquences des principaux types de microsatellites chez les mammifères [46].

Microsatellite	Motif	Fréquence	Remarque
Mononucléotide	(A) _n	Un tous les 5-10 kb	0,3 % du génome
Dinucléotides	(CA) _n	Un tous les 25-100 kb	0,5% du génome
	(TC) _n	Un tous les 50 kb	0,2 % du génome
Trinucléotides	(TTA) _n	Un tous les 300-500 kb	
	(AGC) _n	Un tous les 300-500 kb	
Tétranucléotides	(AATC) _n , (AATG) _n ACAG) _n , (AAAT) _n , (AAAG) _n		Dérive des séquences poly (A) des familles Alu

1.4.3.2. Polymorphisme de nucléotide simple (SNP : single nucléotide polymorphisme)

Les SNPs sont des mutations ponctuelles, retrouvées aléatoirement sur les génomes des eucaryotes, au moyenne, toutes 100 à 1000pb[36], [51], [52]. C'est un polymorphisme bi allélique dont la fréquence allélique devrait être de 1% et plus [45], [53]. La plupart des SNPs se trouvent dans les parties non codantes de génomes, sans implications fonctionnelles, néanmoins, ils peuvent toucher l'ADN codant (gène majeur, gène régulateurs) influant le phénotype en relation [51], [54]. Plusieurs SNPs peuvent être retrouvés, d'une manière très abondante, dans le génome d'une espèce [36], [54]. L'abondance des SNPs avec une fréquence d'apparition élevée, comparée aux STRs, réduit la distance entre le marqueur et le gène d'intérêt [36]. L'information rapportée par les SNPs est limitée si on la compare

avec celle des STRs du moment où les STRs sont multi alléliques et les SNPs sont bi alléliques (Tableau 1.4) [36].

Les SNPs sont dotés d'une puissance limitée, par rapport aux STRs, pour déceler la variation génétique des populations et cela est vrai lorsque l'estimation se base sur les indices de richesse allélique. L'étude de la structure de la population passe par l'estimation des paramètres génétiques tels que le F_{ST} et la distance D de Nei. Les SNPs à haute hétérozygotie permettent de comprendre la magnitude de la structure d'une population et sa distribution du moment où les mutations qui ont créé les SNPs à haute hétérozygotie ont tendance d'être plus âgées que les mutations qui ont créé par les SNPs à faible hétérozygotie et aussi les mutations âgées sont susceptibles d'être distribuées dans la population par migration [55]. La taille effective (N_e) d'une population peut être estimée à partir du taux de variation génétique [56], (Figure1.2).

Tableau 1.4 : caractéristiques des marqueurs STR et SNP [36].

Caractère	Microsatellites	SNP
Polymorphisme	Très élevé (nombreux allèles)	Limité (deux allèle)
Fréquence d'apparition dans le génome	Limitée Répartition non uniforme sur le génome (toutes les 10^6 pb)	Elevée Répartition uniforme sur le génome (toutes les 10^2 à 10^3 pb)
Coût de typage génétique	Important	Réduit
Informativité	Elevée	Limité à l'échelle d'un SNP Importante (abondance dans le génome) et (faible distance entre le marqueur et le gène d'intérêt.

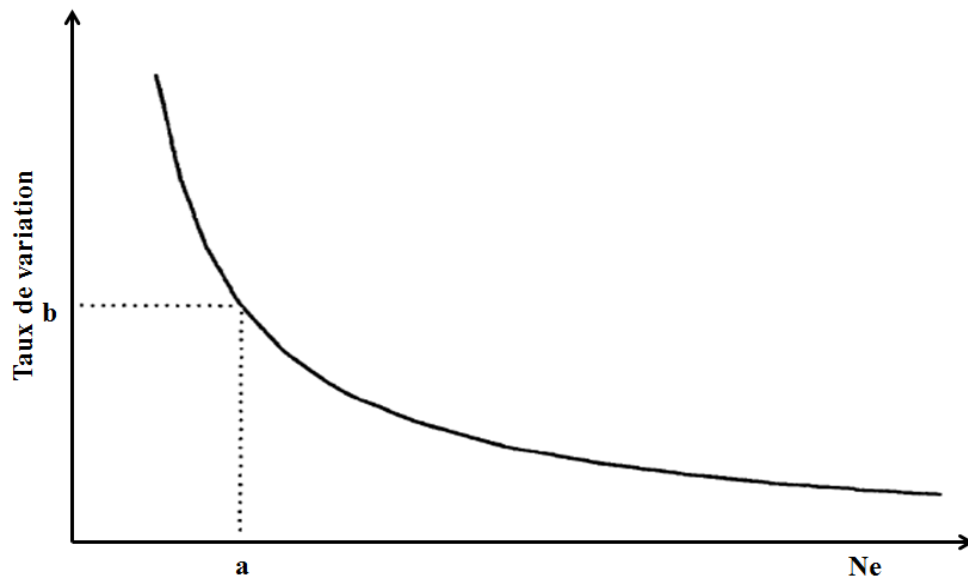


Figure 1.2: Evolution du taux de variation génétique d'une population en fonction de la taille effective [56].

L'identification des individus dépend du nombre de marqueurs indépendants et leur hétérozygotie plutôt que sur le nombre d'allèles. La puissance des SNPs d'identifier les individus est 2 à 4 fois inférieure de celle des marqueurs multi alléliques quoique cette puissance puisse être améliorée par PCR [55]. La détermination de paternité peut se faire avec les SNPs [55], [57] sauf que cela nécessite 40 à 100 SNPs avec une hétérozygotie espérée (H_e) variant de 0,20 à 0,40 [55]. La fréquence élevée des SNPs sur les génomes ainsi que leur abondance sont utiles pour découvrir les gènes d'intérêt ou responsables des maladies [36], [58]. La mise en évidence de la localisation des SNPs revêt une importance capitale du moment que ces mutations peuvent se retrouver dans différentes régions, codantes ou non codantes, sur les génomes et par conséquent la mise en évidence des gènes d'intérêt ou responsables d'une maladie ainsi que la détermination des régions du génome qui interviennent d'une manière indirecte dans l'expression d'un caractère phénotypique donné [54], [58], [59].

1.4.3.3. Polymorphisme de longueur des fragments d'amplification (AFLP : amplification fragment length polymorphism).

Les marqueurs AFLP sont générés suite à la restriction l'ADN génomique et l'amplification sélective par hybridation des amorces choisies arbitrairement [38], [60], [61]. Cette technique repose sur des principes inspirés de la FRLP et la RAPD [60], [61] et se déroule généralement en trois étapes : une étape de restriction et de ligature de l'ADN, une étape d'amplification des fragments balisés par des adaptateurs qui seront ensuite le siège d'hybridation des amorces et en fin une étape de visualisation par électrophorèse (figure 1.3). L'amplification sélective est obtenue par l'utilisation des amorces étendue d'une à trois bases arbitraires (pour réduire le nombre de fragments amplifiés) [38], [60]. Le nombre des fragments à visualiser dépend de la résolution du système de détection ; la migration sur gel polyacrylamide permet de visualiser 50-100 fragments [60].

L'AFLP, comparées aux autres techniques moléculaires, recèle toute une série d'avantages mettant en évidence sa rentabilité, sa facilité, sa rapidité et sa résolution avec des coûts et niveau d'erreur faibles, ne nécessitant ni des connaissances préalables sur le génome regardé pour tout organisme à ADN [60], [61], ni de quantités importantes d'ADN [61], [62]. Une AFLP répétée montre une reproductibilité parfaite et des erreurs globales généralement être inférieure à 2% [61]. Les différences nucléotidiques simples entre les fragments AFLP peuvent être résolues soit avec électrophorèse manuel de gel de polyacrylamide ou l'aide des automates, méthodes nécessitant des compétences techniques et matériels coûteuses ; en de telles situations l'analyse des marqueurs AFLP avec électrophorèse sur gel d'agarose est possible [38], [61].

Les marqueurs AFLP, pour une grande partie de taxons, ont été utilisés pour décrypter la variation génétique pour des souches et espèces apparentées étant donné que d'autres marqueurs moléculaires et morphologiques étaient inefficaces, ainsi ils sont utilisés dans la mise en évidence des relations phylogéniques par la mesure des distances génétiques [61].

Les AFLP peuvent être appliqués dans des enquêtes sur la structure et la différenciation des populations par l'estimation des F_{ST} et dans l'évaluation des flux

et la dispersion des gènes et (croisement, introgression). La rapidité de mise en exergue du polymorphisme AFLP est une propriété cruciale dans la génétique de conservation des ressources génétiques [13], [61], [62].

La faible probabilité de ressemblance génétique entre individus lors de l'analyse du polymorphisme par AFLP était la base des empreintes génétiques et l'estimation des liens de parenté. Les marqueurs AFLP ont été largement utilisés pour la construction de cartes génétiques pour des analyses de QTL [61].

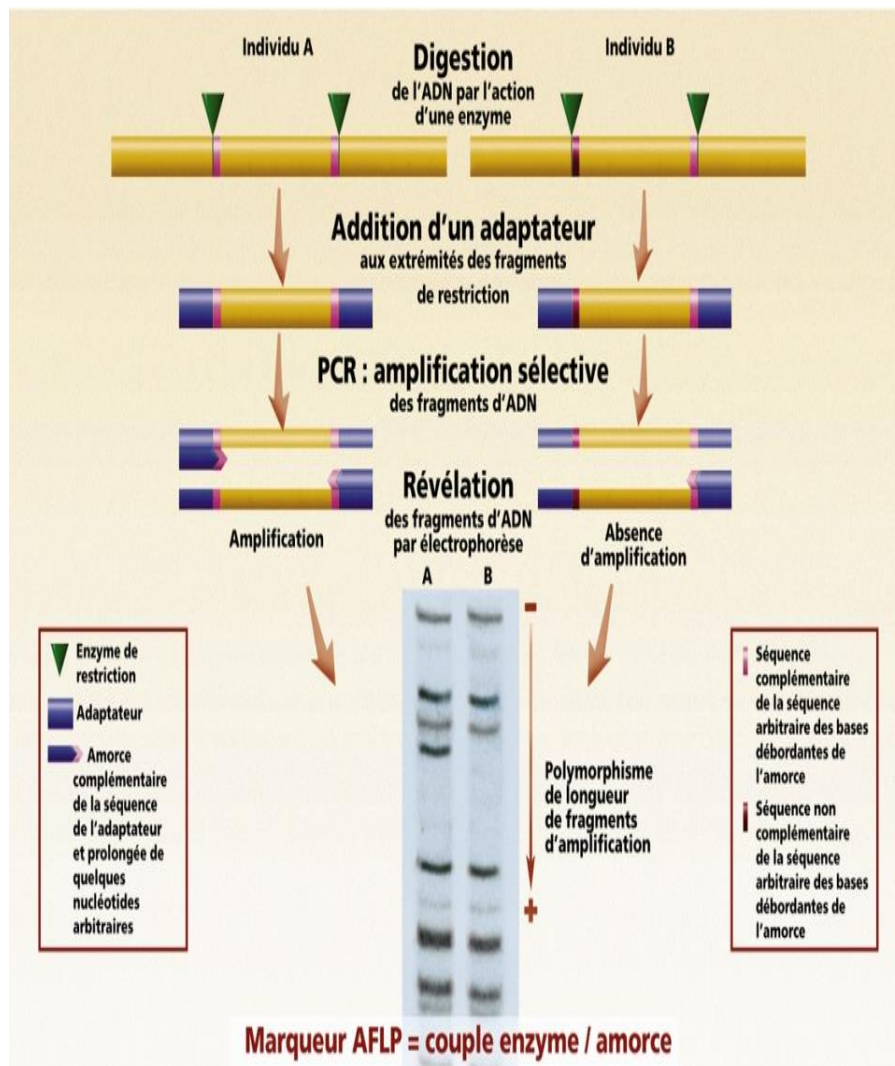


Figure 1.3: Etapes de l'AFLP [63].

1.5. Indicateurs de la variabilité génétique

1.5.1. Fréquence allélique

La fréquence allélique est la fréquence à laquelle se trouve l'allèle d'un variant dans une population. Habituellement, on l'exprime comme une proportion ou un pourcentage. La somme des fréquences alléliques de tous les allèles d'un gène dans une population est donc par définition égale à 1. En génétique des populations, les fréquences alléliques représentent la diversité génétique au niveau de la population, ou de l'espèce [64]. Elle est d'une grande importance dans le processus d'évolution puisque les changements génétiques d'une population sont habituellement décrits par des changements des fréquences alléliques [65].

1.5.2. Test de conformité à l'équilibre de Hardy-Weinberg

Le principe de (Castle-)Hardy-Weinberg, ou la loi d'Hardy-Weinberg ou encore le modèle d'Hardy-Weinberg voire l'équilibre de Hardy-Fleury-Weinberg), a été mis en évidence au début du XXème siècle par un mathématicien anglais, G.H. Hardy, et un médecin allemand, W. Weinberg, et stipule que les fréquences alléliques restent stables de génération en génération dans une population diploïde idéale et ne dépendent que des fréquences de la génération initiale [66].

La notion d'équilibre dans ce modèle est soumise aux conditions suivantes : 1) la population est panmictique ; 2) la population est de grande taille ; 3) il ne doit y avoir ni sélection, ni mutation, ni migration ; et 4) les générations ne sont pas chevauchantes, c'est-à-dire qu'il n'y a pas de croisement entre individus appartenant à différentes générations.

Une perturbation de l'EHW donne des indications sur la divergence génétique des populations. Celle-ci dépend des quatre forces évolutives : la sélection, les mutations, la dérive génétique et le flux génique.

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.

1.5.3. Indicateurs de la variabilité génétique au sein des populations

Plusieurs paramètres peuvent être utilisés comme indicateurs de l'état de la variabilité génétique à l'intérieur d'une population, nous citons ici les plus communs dans les études récentes.

1.5.3.1. Diversité allélique

Un premier indicateur de la diversité génétique est le nombre total d'allèles (NTA) pour un locus donné. Un grand nombre d'allèles impliquant une grande diversité [67]. Pour chaque population, nous pouvons calculer la moyenne du nombre d'allèles par locus (N_a) par l'équation suivante :

$N_a = \text{nombre total d'allèles} / \text{nombre de loci}$

1.5.3.2. Taux d'hétérozygotie

L'évaluation de la variabilité génétique au sein d'une population s'effectue généralement en référence à la proportion d'hétérozygotes en un ou plusieurs locus. L'hétérozygotie (diversité génétique de NEI (1973), h_o (observed heterozygosity) peut être calculée à partir de la fréquence mesurée des hétérozygotes (nombre des individus hétérozygotes divisé par le nombre total des individus de l'échantillon). De même, dans une population panmictique la fréquence théorique des hétérozygotes h_e (expected heterozygosity) à un locus peut être calculée à partir des fréquences alléliques [68]. Un faible niveau d'hétérozygotie au niveau de tous les loci étudiés indique généralement une population plutôt consanguine.

1.5.3.3. Indice de polymorphisme des loci

L'indice de polymorphisme des loci 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 [69]. Les valeurs de PIC, obtenu en sommant les probabilités qu'un marqueur soit informatif en fonction des configurations génotypiques des parents vont, de 0 (monomorphe) à 1 (hautement discriminant) [70].

1.5.3.4. Indicateurs de la variabilité génétique entre populations

1.5.3.4.1. Indices de diversité de Nei

La variabilité entre populations peut être appréhendée par la mesure du coefficient de différenciation génétique (G_{ST}) de NEI (1973) [68], dans le cadre de l'analyse par décomposition hiérarchique de la diversité génétique. Pour les loci multi-alléliques, Nei propose les indices de diversité suivants :

La diversité génétique totale (H_T) qui mesure la diversité génique de l'ensemble des populations. Celle-ci est la somme de la diversité génique intra population (H_S) et la diversité inter population (D_{ST}). La diversité génétique intra population (H_S) mesure la diversité génique à l'intérieur des sous-populations.

La diversité génétique inter population (D_{ST}) mesure la diversité génétique entre les sous-populations. Le coefficient de différenciation génique (G_{ST}) estime la différenciation entre les sous-populations [68].

$$G_{ST} = \frac{1 - H_S}{H_T} = \frac{D_{ST}}{H_T}$$

1.5.3.4.2. F-statistiques de Wright

La différenciation entre les populations peut être aussi étudiée en calculant les indices de fixation (F) proposées par WRIGHT en 1943. Ces paramètres sont utilisés d'une façon hiérarchique. Soit T, un ensemble formé de S populations dont chacune est composée de I individus. Le F_{ST} (différenciation entre Sous-populations par rapport au Total) est calculée en fonction des paramètres F_{IS} (différenciation des Individus à l'intérieur des Sous-populations) et F_{IT} (différenciation des Individus par rapport au Total).

Le coefficient de consanguinité (F_{IS}), comme nous l'avons dit, mesure la consanguinité des individus, consécutive à l'absence de panmixie à l'intérieur des sous-populations. Ainsi, une proportion importante d'homozygotes dans une sous-population se traduit par un F_{IS} élevé, par rapport à une population en EHW.

$$F_{IS} = \frac{(H_S - H_I)}{H_S}$$

L'indice F_{ST} traduit le déficit en hétérozygotes dû à la subdivision de la population en sous-populations et mesure le niveau de différenciation génétique entre les sous-populations. Ce déficit en hétérozygotes est souvent attribué à la dérive génétique et/ou à un flux de gènes limités.

$$F_{ST} = \frac{(H_T - H_S)}{H_T} \quad \text{ou} \quad F_{ST} = \frac{1 - H_S}{H_T}$$

La déviation des fréquences génotypiques (F_{IT}) mesure la déviation génotypique par rapport à l'EHW sur l'ensemble de toutes les sous-populations. Les F-tatistiques de Wright permettent ainsi de connaître la structure génétique d'une population.

1.5.3.4.3. Distances génétiques

Une autre approche de l'étude de la différenciation génétique entre des individus ou des populations est l'analyse du degré de similitude entre eux ou entre elles. Il est généralement connu que la distance génétique entre les sous-populations augmente en fonction du temps de leur divergence à partir de la population d'origine [71].

Plusieurs estimateurs de la distance génétique sont proposés pour les fréquences alléliques, les plus utilisés en génétique et en phylogénie sont la distance génétique de NEI (1972) [72], et celle de REYNOLDS et al. (1983) [73].

La distance standard D_s de [72], basée sur les distances arithmétiques entre fréquences alléliques, constitue la distance la plus classiquement utilisée. La distance de Nei, qui considère un modèle mutation-dérive, présente des propriétés spécifiques et reste appropriée pour un modèle particulier d'évolution.

La distance génétique de Reynolds et al. (1983) dérive de l'index F_{ST} . Elle est estimée entre paires de populations stationnaires, de taille égale à $2N$ et qui ont divergé il y a t générations selon la formule :

$$D = -\ln(1 - F_{ST}) \approx \frac{t}{2N}$$

Cette distance mesure la divergence des populations due à la dérive génétique, donc appropriée à des temps courts où les mutations sont négligeables. Pour cette raison, la distance de Reynolds est considérée comme la distance la plus appropriée pour l'étude des relations phylogénétiques entre les races d'animaux domestiques.

1.5.3.4.4. Méthodes bayésiennes pour inférer la structure de la population

Lorsqu'on connaît les données génétiques d'un ensemble d'individus pour un ensemble de marqueurs (un certain nombre d'allèles, de microsatellites ou de SNP_s), un des objectifs est de détecter si les individus sont structurés en populations, et, si c'est le cas, d'identifier le nombre de groupes (clusters) isolés ou partiellement isolés. Plusieurs méthodes permettent d'effectuer ce type d'analyse. Les approches bayésiennes (Admixture, NetView, Chrompainter/ finestructure, sPCA, segments d'IBD et les ROHs) par des logiciels de bio-informatique et des algorithmes cherchent à distinguer les différents types de structures génétiques qui peuvent apparaître à diverses échelles géographiques et génétique au sein des populations. Ces structures sont souvent appelées groupes ou clusters. Un groupe génétique peut être considéré comme un ensemble d'individus génétiquement homogène, mais montrant des différences avec d'autres groupes [74]–[82].

CHAPITRE 2

CARACTERISATION PHENOTYPIQUE DE LA RACE HAMRA

La caractérisation phénotypique (primaire et avancée) des ressources zoogénétiques correspond à l'identification des différentes races et à la description de leurs caractéristiques externes et de production dans un environnement et un cadre de gestion donnés [14].

La caractérisation phénotypique consiste à collecter un certain nombre des données comme les caractéristiques et l'apparence physiques (mesure des caractéristiques morphologiques des animaux), les caractères économiques (croissance, reproduction et rendement/ qualité de la production) [14].

Dans notre étude nous nous sommes intéressés à ce volet de la caractérisation phénotypique de la race ovine algérienne Hamra élevée dans la station étatique expérimentale d'ITELV d'Ain Hadjar à Saida.

Nous avons retenu les paramètres phénotypiques suivants :

Caractérisation morphométrique de la race par l'étude de 21 variables quantitatives et 15 variables qualitatives ainsi que certains indices morphologiques.

Caractérisation économique des paramètres de reproduction (fertilité, fécondité, prolificité et taux de mortalité) et des paramètres de production (poids à la naissance, évolution pondérale des agneaux au sevrage et le gain moyen quotidien de la race).

2.1. Présentation de la ferme de démonstration ITELV Ain El Hadjar

La ferme de démonstration (ex station expérimentale) a pour mission la réalisation des activités de recherche appliquée, d'expérimentation, de production de semences et d'appui pour la production, s'insérant dans le programme général confié à l'Institut Technique des Élevages.

La station expérimentale a été créée par l'arrêté ministériel N°484 SM du 10/05/1989. Sa surface est de l'ordre de 179 ha 21 ares 25 çà sous forme SAT dont 177 ha 61 ares 25 çà de superficie agricole utile (SAU).

2.1.1 Choix du site

Le choix de cette ferme dès le départ n'était pas fortuit pour les raisons suivantes : Tout d'abord, la disponibilité de la base de données au niveau de cette ferme grâce au suivi technique et régulier des agents qualifiés de la ferme.

La possibilité d'effectuer la collecte de données plus détaillée pour chaque agnelage. Enfin, la ferme d'Ain Hadjar se situe dans le berceau de la race Hamra et de ce fait le noyau principal des ovins de la race Hamra pure disponible a été dispersé par la suite dans les élevages privés selon les conventions signées avec les associations d'éleveur de la race Hamra pour la diffusion du sang Hamra.

2.1.2. Situation et climat

La ferme de démonstration et production de semence ITELV est située à 11 km du Sud-Ouest de la ville de Saida, au niveau de la commune de Ain El Hadjar. Elle est située sur une latitude de 34°45'30.07"N et une longitude de 0° 7'6.30"E et à une altitude de 1001m.

Du point de vue climatologie, la région de Saida est connue par un climat semi-aride caractérisé par des précipitations faibles et irrégulières avec une moyenne de 200 mm par année. En hiver la température peut descendre au-dessous de 0 °C en revanche, en été elle dépasse 40, voire même 50 °C.

2.1.3 Infrastructures de la ferme

Bergeries : La ferme de démonstration ITELV dispose de quatre bergeries différentes qui sont comme suit :

- Bergerie expérimentale : où se déroule les travaux d'expérimentations réalisés par les cadres de l'ITELV et parties expérimentales des étudiants des différentes institutions d'enseignement.
- Bergerie mère : où est abrité le grand troupeau constitué généralement de reproductrices (brebis et antenaises) et les agnelles.
- Bergerie de sevrage et engraissement : elle sert à isoler les agneaux et agnelles après le sevrage et l'engraissement des agneaux destinés à la vente.
- Bergerie Béliers : elle abrite les béliers en isolement (loin des brebis) et les antenais retenus comme futurs géniteurs.

2.1.4. Cheptel de la ferme

La composition du cheptel de la ferme varie selon l'objectif assigné par la direction générale de l'ITELV et s'insérant en même temps dans le programme général confié à l'institut par le ministère de l'agriculture. La situation des effectifs de la Hamra pour l'année 2017 est résumée dans le tableau 2.1 :

Tableau 2.1: Effectifs par catégories de la race ovine Hamra à la station de l'ITELV de Saida en 2017.

Catégories	Effectifs
Brebis	206
Béliers	27
Antenaises	86
Antenais	26
Agnelles	73
Agneaux	91
Total	509

2.1.5. Conduite technique de l'élevage

Le cheptel ovin de la ferme est reparti en plusieurs troupeaux :

-**Grand troupeau** : constitué de reproductrices (brebis + antenaises) et les agnelle plus de six mois, il constitue la majeure partie du cheptel.

-**Troupeau de reproducteurs** : constitué de béliers sélectionnés et antenais retenus comme futurs géniteurs.

- **Troupeau des jeunes sevrés** : constitué d'agneaux et agnelles dont l'âge ne doit en aucun cas dépasser les six mois.

Troupeau d'agneaux à l'engraissement : constitué d'agneaux qui n'entre pas dans le programme de sélection de géniteurs, qui sont éliminés après le premier et le deuxième contrôle.

2.1.6. Conduite alimentaire

La conduite de l'alimentation est répartie en trois périodes distinctes :

1^{ère} période : Valable du mois de novembre au mois février, durant laquelle la conduite technique de l'alimentation est réalisée au sein des bergeries pour la totalité du cheptel, basée sur la distribution du concentré fourrage d'avoine.

2^{ème} période : Du mois de février au mois d'avril durant laquelle les troupeaux sont conduits sur pâturage en vert au niveau des parcelles laissées en jachère avec la complémentation nécessaire pour les agnelles en croissance et les brebis en lutte (flushing).

3^{ème} période : allant du mois de Mai au mois d'octobre, les troupeaux sont conduits sur pâturage des chaumes de céréales (avoine et orge) avec une ration complémentaire pour les brebis gestantes (steaming).

2.1.7. Conduite de la reproduction :

La lutte est programmée chaque année entre le 10 avril et le 20 mai, après que le choix des femelles susceptibles d'être mises en reproduction parmi les brebis, les antenaises et les agnelles de la ferme en fonction de l'état général des brebis et antenaises et de l'âge et le poids pour les agnelles.

L'effet bélier est utilisé avec une période d'isolement au minimum de trente (30) jours et leurs introductions par la suite dans les troupeaux de brebis pour la durée de la lutte.

Afin de limiter les fréquences d'apparition d'anomalies liées à la consanguinité une lutte en lot est organisée chaque année et ce pour éviter les accouplements entre les animaux présentant un lien de parenté étroit (père/fille et mère/fils).

2.2. Caractérisation morphologique de la race ovine Hamra d'Algérie

2.2.1. Introduction

La race Hamra est également appelée « **Deghma** » ou encore « **Beni-Ghil** » au Maroc. C'est une race réputée pour la qualité de sa viande en raison de la finesse de son ossature et la rondeur de ses lignes et également pour la nature de son alimentation constituée de plantes locales variées [2], [9].

Autrefois, race importante par ses effectifs 6 millions de têtes en 1969 [9] et 2,5 millions têtes dans les années 80 [2], elle connaît actuellement un déclin alarmant, un rapport national sur les ressources génétiques animales réalisé en 2003 a recensé environ 55.800 têtes seulement. En plus elle n'existe en état pure qu'aux niveaux des institutions étatiques de préservation ITELV, CNIAAG et les éleveurs conventionnés avec l'ITELV [10], ce qui réduit son effectif de race pure à 9000 brebis en 1999 mentionné dans le standard de la race Hamra établi en 2007 par LAMRANI [83] .

Ainsi, la race Hamra est soumise à un haut risque d'extinction et cela malgré ces bonnes performances. Pour faire face à cette situation préoccupante de haut risque d'extinction, surtout qu'elle constitue un héritage et un patrimoine génétique et cultural national, il est impératif de lancer des programmes de préservation et conservation selon les directives de la FAO (2012) [1] tout en se basant en premier lieu sur la caractérisation phénotypique car cette approche constitue la voie la moins chère et essentielle avant la caractérisation génétique moléculaire.

La caractérisation morphologique repose sur la description des caractères qualitatifs couvrant l'état physique, la forme, la couleur et l'apparence externe et sur la description des caractères quantitatifs visant la taille et les mesures du corps [5].

Le **but** de l'étude est de caractériser finement avec des traits morphologiques quantitatifs (21 variables) et qualitatifs (15 variables) la race Hamra au niveau de la ferme de l'institut technique d'élevage (ITELV) de Saida situé dans son environnement naturel et de production (berceau de la race) suivant les

recommandations de la FAO l'Organisation des nations unies pour l'alimentation et l'agriculture[1].

2.2.2. Description de lieu et durée d'étude

L'étude était menée au niveau de la station expérimentale d'Aïn El Hajar de l'Institut Technique des Elevages (ITELV) de la wilaya de Saida d'Algérie durant le mois d'Octobre 2012.

La ferme est située à une latitude de 34°45'30.07"N et longitude de 0° 7'6.30"E et à une altitude de 1001m. La wilaya de Saida est connue par un climat semi-aride caractérisé par des précipitations faibles et irrégulières avec une moyenne de 200 mm par an. En hiver la température peut descendre au-dessous de 0 °C en revanche, en été elle dépasse 40, voire même 50 °C. Cette station expérimentale, relevant du Ministère de l'Agriculture, a comme principale mission la conservation et l'amélioration de la race ovine Hamra pure, en collaboration avec les institutions de recherche dans un cadre concerté.

2.2.3. Echantillonnage des animaux

Toutes les mensurations et notations ont été faites sur un effectif de 91 têtes de race Hamra pure dont 19 Béliers et 72 brebis parmi les 600 têtes présentes au niveau de la station car seuls les animaux non gravides et âgés de deux ans et plus sont concernés (La croissance des ovins se stabilise au-delà de l'âge de 18 mois que ce soit pour les mâles ou les femelles).

2.2.4. Méthodes

2.2.4.1. Paramètres quantitatifs et qualitatifs

Le principe de cette étude morpho-biométrique repose sur l'appréciation de plusieurs variables, de nature quantitatives (voir tableau 2.2) et qualitatives (voir tableau 2.3), selon les recommandations de la FAO [1]. Toutes les mesures ont été réalisées le matin par le même groupe d'opérateurs, de façon à éviter les biais inhérents à l'introduction d'une variabilité interindividuelle.

Pour obtenir les mensurations, les opérateurs, qui ont disposé les animaux sur un sol horizontal, ont utilisé un ruban métrique et une toise, un pied à coulisse et une balance.

2.2.4.2. Indices morphologiques

A partir des mesures unitaires des traits quantitatifs (tableau 2.2), des indices ont été calculés en suivant les méthodes de [15], [84] visant à déterminer le type et la fonction de la race. Les formules de ces indices sont présentées dans le tableau 2.4

2.2.4.3. Analyses statistiques

Pour les données morphométriques et les indices morphologiques, les deux sexes ont été analysés séparément en raison de différences dans la taille de l'échantillon et, au dimorphisme sexuel ; la moyenne, l'erreur standard moyenne (ESM) et le coefficient de variation (CV) ont été calculés pour tous les caractères mesurés.

Pour les variables qualitatives, les fréquences ont été calculées pour les deux sexes de différentes modalités de chaque caractère discret analysé.

Les logiciels Excel 2016, R version 3.6.0 [85] ont été utilisés pour l'ensemble des analyses statistiques (Le test-t de Student pour comparer les moyennes et le test Chi-deux pour comparer les fréquences).

Tableau 2.2: Paramètres quantitatifs pris en considération dans la caractérisation morphologique (21 variables) de la race Hamra.

Variable	Symbole	Définition,
Poids	Pds	Poids vif
Longueur de la tête	LT	Distance entre la limite supérieure du front jusqu'à la pointe d'attache des deux naseaux
Largeur de la tête	LrT	Distance maximale entre les arcs zygomatiques
Longueur des oreille	LO	Distance de la base à l'extrémité de l'oreille
Largeur des oreilles	LrO	Au milieu d'oreilles
Longueur du cou	LC	Distance de la gorge au début du sternum
Longueur du tronc	LTr	Distance entre le bord antérieur de l'épaule et le bord postérieur de la fesse
Longueur totale du corps	LTtot	Distance prise de la pointe du chignon jusqu'à l'attache de la queue
Tour de poitrine	TP	Périmètre de la poitrine au niveau de la 6 ^{ème} côte
Profondeur de la poitrine	PP	Distance verticale du haut du garrot à l'appendice
Largeur de la poitrine	LrP	Largeur au niveau de la 6 ^{ème} côte juste en arrière du coude.
Largeur interne du poitrail	LrPint	Distance interne entre les deux avant-bras au niveau du sternum
Largeur externe du poitrail	LrPext	Distance externe entre les deux avant-bras au niveau des pointes des épaules
Longueur du bassin	LB	Distance de la pointe de la hanche à la pointe de la fesse
Largeur des hanches	LrH	Distance entre les deux pointes des hanches Largeur au niveau des ischions
Largeur au niveau des ischions	Lrl	Largeur du bassin au niveau des ischions
Hauteur au garrot	HG	Hauteur prise entre le haut du garrot au sol
Hauteur au dos	HD	Hauteur prise entre le haut du dos au sol
Hauteur au sacrum	HS	Hauteur prise entre le haut du sacrum au sol
Tour du canon	TC	Périmètre au niveau de la partie fine du canon du membre antérieur droit
Longueur de la queue	LQ	Distance de l'attache de la queue à son extrémité

Tableau 2.3: Paramètres qualitatifs pris en considération dans la caractérisation morphologique (15 variables) de la race Hamra.

Variables	Symbole	Classes
Sexe	Sexe	Male, femelle
Etat des cornes	Ecr	Absents, présent, perdues
Forme des cornes	FCr	Mottes, petites, droites, courbes, spirales, tire-bouchon
Forme des oreilles	FOr	Tombante, semi-horizontale, horizontale, dressé
Profil du chanfrein	PCh	Sub-concave, droit, légèrement busqué, busqué, très busqué
Forme de l'encolure	FEn	Retro-incurvé, droit
Etendue de la queue	EQe	Au-dessus, au niveau, au-dessous du jarret
Etendue de la toison	Eto	Non envahissante, semi-envahissante, envahissante, semi toupet, très envahissante
Forme de dos	FDs	Concave, sub-concave, droit, sub-convexe, convexe
Texture de la queue	txqe	Fine, grasse
Couleur de la tête	cTet	
Couleur du cou	cCou	
Couleur de la toison	cTois	
Couleur de membres antérieurs	cmbran	
Couleur de membres postérieurs	cmbrho	

Tableau 2.4: indices morphologiques selon Salako (2006) et Alderson (1999) [15], [84].

Indice	Formules
Indice poids	$[(\text{longueur totale du corps} \times \text{profondeur de poitrine}) \times (\text{largeur des hanches} + \text{largeur de la poitrine})] / 1050$
Indice d'inclinaison ou de pente (cm)	Hauteur au garrot – hauteur au sacrum
Indice longueur	Longueur totale du corps / hauteur au garrot
Indice largeur	Largeur des hanches / largeur de la poitrine
Indice profondeur	Profondeur de la poitrine / hauteur au garrot
Indice hauteur (cm)	Hauteur au garrot – profondeur de la poitrine
Balance	$(\text{Longueur du bassin} \times \text{largeur des hanches}) / (\text{profondeur de la poitrine} \times \text{largeur de la poitrine})$
Indice cumulé (3)	Indice cumulé (sans unité) = (indice poids / moyenne du poids) + (indice longueur + balance)

2.2.5 Résultats et discussion

2.2.5.1. Paramètres quantitatifs

Les résultats des paramètres quantitatifs étudiés (21 variables) sont présentés dans le tableau 2.5. Les moyennes, erreur standard moyenne (ESM) et coefficients de variances (CV) sont calculés par le logiciel R.

Tableau 2.5. Moyenne, erreur standard moyenne (ESM) et coefficients de variances (CV) pour les caractères quantitatifs enregistrés chez les ovins de la race Hamra.

Variable	Femelle			Male		
	Moyenne	ESM	CV	Moyenne	ESM	CV
Pds	43.15 _a	0.61	12.14	71.57 _b	2.67	16.31
LT	20.64 _a	0.08	3.64	24.44 _b	0.25	4.46
LrT	12.33 _a	0.07	5.48	13.34 _b	0.17	5.86
LO	12.62_a	0.18	12.55	13_a	0.19	6.661
LrO	6.79 _a	0.04	5.21	7.12 _b	0.04	3.02
LC	30.11 _a	0.17	5.07	33.31 _b	0.41	5.43
LTr	64.89 _a	0.46	6.08	75.29 _b	0.94	5.47
LTtot	96.37 _a	1.38	12.15	107.71 _b	1.23	4.99
TP	84.92 _a	0.41	4.16	100.53 _b	1.22	5.32
PP	33.07 _a	0.14	3.82	39.07 _b	0.35	3.92
LrP	16.85 _a	0.12	6.31	22.20 _b	0.37	7.42
LrPint	10.59 _a	0.13	10.49	13.05 _b	0.48	16.18
LrPext	17.44 _a	0.14	6.99	23.39 _b	0.35	6.61
LB	21.20 _a	0.13	5.27	24.28 _b	0.24	4.46
LrH	17.71 _a	0.15	7.48	19.37 _b	0.20	4.54
Lrl	16.21 _a	0.14	7.48	20.71 _b	0.38	8.13
HG	72.04 _a	0.24	2.90	81.66 _b	0.61	3.28
HD	70.25 _a	0.29	3.61	78.44 _b	0.46	2.58
HS	69.68 _a	0.23	2.82	77.4 _b	0.63	3.57
TC	7.34 _a	0.14	17.07	8.91 _b	0.08	4.00
LQ	33.02 _a	0.36	9.35	36.91 _b	0.73	8.62

^{a,b} Les moyennes sur une même ligne suivies de lettres différentes sont significativement différentes ($P < 0,05$)

La variabilité morphologique peut être considérée comme un bon indicateur de la variabilité génétique et ainsi du potentiel adaptatif de la race [67].

Les mesures quantitatives permettent d'obtenir une caractérisation morphologique plus fine et plus précise, les résultats de notre étude ont montré que la race Hamra de la station d'ITELV d'Ain Hadjar du Saida est une race de conformation moyenne avec un poids vifs de 43.15 Kg et 71.57 chez les femelles et les males respectivement.

Plusieurs études récentes réalisées en Algérie [86]–[94] se sont focalisé sur la caractérisation morphométrique des différentes races ovines algériennes sur la base de calculs des mensurations suivantes ; Longueur du tronc (LTr), Longueur totale du corps (LTtot), Tour de poitrine (TP), Profondeur de la poitrine (PP), Hauteur au garrot (HG), Hauteur au dos (HD), Hauteur au sacrum (HS), Tour du canon (TC) et la Longueur de la queue (LQ).

Nous avons enregistré pour les paramètres cités le tableau 2.5 les moyennes suivantes pour les femelles et les males respectivement ; LTr (64.89 ± 0.46 , 75.29 ± 0.94) ; LTtot (96.37 ± 1.38 , 107.71 ± 1.23) ; TP (84.92 ± 0.41 , 100.53 ± 1.22) ; PP (33.07 ± 0.14 , 39.07 ± 0.35) ; HG (72.04 ± 0.24 , 81.66 ± 0.61) ; HD (70.25 ± 0.29 , 78.44 ± 0.46), HS (69.68 ± 0.23 , 77.4 ± 0.63) ; TC (7.34 ± 0.14 , 8.91 ± 0.08) et LQ (33.02 ± 0.36 , 36.91 ± 0.73).

L'analyse statistique a révélé une différence significative entre les deux sexes de l'ensemble des traits quantitatifs à l'exception de la variable longueur des oreilles (LO). Notamment, Le dimorphisme sexuel est une caractéristique morphologique fondamentale de la plupart des ongulés [95] et a des conséquences importantes sur la prévision, le comportement, la dynamique des populations et l'évolution [96].

Le dimorphisme trouvé est déjà constaté dans d'autres études récente de la race Hamra [86], [94] et les autres races ovines locales [86], [88], [92], [93], [97], [98].

L'égalité des moyennes entre les deux sexes concernant la variable longueur des oreilles a été constaté aussi chez la race ouled djellal [92] et chez la race Rembi [93].

Nous avons constaté que le poids vif et la hauteur au garrot sont les variables les plus fournées en chiffre dans l'ensemble des études publiés sur la caractérisation

morphométrique des ovins en Algérie. Pour cela nous avons pris ces deux variables afin d'avoir une puissance de comparaison avec les résultats d'autrui.

En comparant nos résultats avec ceux publiés sur la race Hamra , nous avons constaté une similitude de poids vifs pour les travaux réalisés par [2], [9], [90], [99], [100] avec une valeur moyenne de (40 et 71 kg vs 43.15 et 71.57) pour les femelles et les males respectivement ; par contre la hauteur au garrot a été supérieure (72.04 cm et 81.66 cm vs 0.67cm et 0.76 cm) pour les mâles et les femelles respectivement).

D'autres études récentes sur la race Hamra réalisées au niveau de la Station d'ITELV de Saida ont montré un légère supériorité de la variable HG avec (72.4 et 83.5 cm) dans les travaux [94] et (73,5 et 82 cm) dans l'étude [86] pour les femelles et les males respectivement.

Pour le poids vif Ould Ouelhadj (2017)[94] a enregistré un poids de 46.3 et 80.5 kg chez les femelles et males respectivement.

Ces constats montrent qu'au sein d'une même race on peut avoir des petites variations de variables quantitatives en fonction du temps d'où l'importance d'actualiser la caractérisation de la race au moins chaque cinq ans pour les ovins ce qui est recommandé par la FAO [1].

La comparaison de ces deux variables avec les autres races algériennes place la race Hamra au milieu des races algériennes avec des valeurs supérieures à ceux enregistrées chez les races D'man, barbarine, Sidaoun et berbère et inférieures a ceux enregistrées chez les races Ouled djellal, Rembi et Tazegzawt (tableau 2.6).

Tableau 2.6 ; classification des principales publications récentes sur la caractérisation des races ovine algériennes sur la base de variables ; PV et HG

Race	Variables	Femelle	Males	Auteurs
Ouled djellal	Poids vif	61.27	95.87	[92]
	HG	80.13	91.40	
Remué	Poids vif	53,22	84,27	[93]
	HG	77,32	88,62	
Tazegzawt	Poids vif	54,60	78,55	[89]
	HG	79,39	87,11	
Notre étude	Poids vif	43.15	71.57	Notre étude
	HG	72.04	81.66	
Barbarine	Poids vif	37	45	[90]
	HG	64	70	
Berbère	Poids vif	35-40	45-50	[91]
	HG	66,66	68,82	
Sidaoun	Poids vif	76	77	[90]
	HG	33	41	
D'man	Poids vif	35,8		[88]
	HG	66,1		

Enfin pour la variable du tour au canon calculé au niveau de la partie fine du canon du membre antérieur droit qui donne une idée sur la finesse de l'ossature des races ovines, nous avons enregistré les valeurs les plus petites avec 7,34 et 8,91 cm chez les femelles et les mâles respectivement, notamment les publications récentes ont montrées des valeurs de (8,48 et 10,29 cm) pour la race Ouled Djellal [92], (7,93 et 11,05 cm) pour la race Rembi [93], (7,8 et 8,3 cm) pour la race Berbère [86], (7,6 et 12 cm) pour la race Barbarine [86] et (7,6 et 12 cm) pour la race Tazegzawt. Cela était rapporté dans l'étude de [2] et le standard de la race Hamra élaboré par [9] qu'ils qualifient la race Hamra d'une race à ossature fine.

La race Hamra a un gabarit plus petit par rapport à ceux d'Ouled Djellal [92] ou Rembi [93] mais reste la race locale indigène autochtone rustique et particulièrement adaptée aux conditions climatiques des parcours plats de la steppe de l'Ouest et à son vent glacial "El Gharbi " et ses fortes chaleurs estivales [2], [11].

2.2.5.2. Paramètres qualitatifs

Les fréquences des différentes paramètres qualitatifs étudiés avec leurs significations sont présentés dans le tableau 2.7.

Tableau 2.7: Fréquence en (%) de chaque modalité pour les caractères qualitatifs enregistrés chez les ovins de la race Hamra.

Traits qualitatif	P de chi deux	Modalités trouvés	Femelles (%)	Males (%)	Globale (%)
Etat des cornes	< 0,05	Absent	87.5	42.10	78.02
		Présents	12.5	57.90	21.97
Formes des cornes	< 0,05	Petites	77.77	09.09	42.10
		Courbée	22.22	36.36	31.57
		Spiralé	00.00	54.54	31.57
Forme des oreilles	< 0,05	Tombante	16.66	05.55	14.28
		Semi-horizontale	77.77	52.63	72.52
		Horizontale	05.55	42.10	13.18
Profil du chanfrein	< 0,05	Droit	95.83	10.52	78.02
		Légèrement busqué	04.16	57.89	15.38
		Busqué	00.00	31.57	06.59
Forme de l'encolure	> 0,05	Retro-incurvée	01.38	05.27	02.19
		Droite	98.61	94.73	97.80
Etendue de la queue	> 0,05	Au-dessus	36.11	42.10	37.362
		Au niveau	52.77	52.63	52.74
		Au-dessous du jarret	11.11	05.26	09.89
Etendue de la toison	> 0,05	Non envahissante	30.55	10.52	26.37
		Semi-envahissante	69.44	89.47	73.62
Forme de dos	> 0,05	Concave	01.38	05.26	02.19
		Sub-concave	11.11	10.52	10.98
		Droit	80.55	73.68	79.12
		Sub-convexe	06.94	10.52	07.69
Couleur de la tête	> 0,05	Acajou claire	06.944	00.00	05.49
		Acajou foncé	73.61	100	79.12
		Ac+Af	08.33	00.00	06.59
		Ac+ Blanche	11.10	00.00	10.98
Couleur du cou	> 0,05	Acajou claire	09.72	00.00	07.69
		Acajou foncé	88.88	100	91.20
		Ac+Af	01.38	00.00	01.09
Couleur de la toison	> 0,05	Blanche	87.49	73.68	86.81
		B +Ac	06.94	05.26	06.59
		B +Af	05.55	10.52	06.59
Couleur de membres antérieurs	> 0,05	Acajou claire	05.55	00.00	04.39
		Acajou foncé	93.05	100	94.50
		Af + B	01.38	00.00	01.09
Couleur de membres postérieurs	> 0,05	Acajou claire	05.55	00.00	04.39
		Acajou foncé	91.66	100	93.40
		Af + B	02.76	00.00	02.18

L'analyse statistique des fréquences des différentes modalités des traits étudiés a montré une différence significative entre les deux sexes pour les traits suivants état et forme des cornes, Forme des oreilles et le profil du chanfrein. En effet, nous avons constaté l'absence des cornes chez 87.5% chez les femelles de la race Hamra dans cette étude alors que les mâles ont présentés des cornes dans 57.90 % de têtes dont la majorité des cornes ont une forme spiralée avec 54,54%. Ces observations sont rapportées aussi dans les travaux de [2], [9], [99] qui indiquent que les cornes sont souvent absentes chez la femelle et fréquemment présentes chez le mâle sous forme spiralées.

Dans cette étude les femelles ont présenté des oreilles semi-horizontales dont 77,77% des cas suivi par 16,66% des oreilles tombantes et 05,55 % seulement des oreilles horizontales ; par contre, les mâles ont présenté un grand pourcentage des oreilles sous forme semi-horizontales et horizontales avec 52,63% et 42,10% successivement. Ces résultats sont en contradiction avec ceux rapportées par [2] qui qualifie la forme des oreilles de la race Hamra comme tombantes ; d'où l'importance d'actualiser les données de cartérisation de la race selon les recommandations de la FAO [1] pour fournir une base solide des données actuelles utilisables pour l'évaluation de l'état des ressources zoogénétiques.

Les mâles ont présenté un profil du chanfrein légèrement busqué avec 57,89% et Busqué 31,57% alors que les femelles ont montré un profil droit dont 95,83 % des cas.

Les autres traits qualitatifs n'ont pas montré une différence significative entre les mâles et les femelles dans cette étude. Ainsi, nous avons trouvés les fréquences globales suivantes : i) Forme droite de l'encolure (97,80%). ii) Forme droite du do (79,12%). lii) Etendue de la toison ; semi-envahissant (73,62 %) et non-envahissante (26,37%). iv) couleur blanche de la toison (86,81 %). V) couleur acajou foncé de la tête (79,12%). Vi) couleur acajou foncé du cou (91,20%). Vii) couleur acajou foncé des membres antérieurs (94,50%) et viii) couleur acajou foncé de membres postérieurs (93,40%).

2.2.5.3. Indices morphologiques

Selon ALDERSON (1999) [84] , les mesures linéaires et plus particulièrement les indices morphologiques permettent d'établir les normes pour décrire le type et la conformation de la race.

Le calcul des indices morphologiques, qui montrent la structure et les proportions de chaque animal, nécessite l'utilisations des données de neuf paramètres quantitatifs suivants : le poids moyen, la longueur totale du corps, la profondeur de poitrine, la largeur des hanches, la largeur de la poitrine, la hauteur au garrot, la hauteur au sacrum, la longueur du bassin et la moyenne du poids [15], [84], [101]. Pour notre étude, nous avons présentés dans le tableau 2.8 ; les moyennes, erreur standard (ESM) et coefficient de variance (CV) des indices morphologiques chez les femelles et les mâles de la race Hamra.

Tableau 2.8 : Moyennes, erreur standards (ESM) et coefficient de variance (CV) des indices morphologiques chez les femelles et les mâles de la race Hamra

Variable	Femelle			Male		
	Moy	ESM	CV	Moy	ESM	CV
Indice poids	136.75 _a	1.77	10.99	215,49 _b	13.94	13.94
Indice d'inclinaison	2.35 _a	0.22	79.88	4.26 _b	0.64	65.38
Indice longueur	1.33 _a	0.01	12.27	1.31 _a	0.01	5.06
Indice largeur	1.05 _a	0.01	9.27	0.87 _b	0.013	6.51
Indice profondeur	0.45 _a	0.001	3.17	0.47 _b	0.003	3.13
Indice hauteur	39.009 _a	0.19	4.17	42.59 _b	0.46	4.78
Balance	0.67 _a	0.009	11.74	0.54 _b	0.013	10.38
Indice cumulé	5.20 _a	0.046	7.56	4,99 _b	0.24	11.39

_{a,b} Les moyennes sur une même ligne suivies de lettres différentes sont significativement différentes (P < 0,05).

Les indices morphologiques pour les mâles et les femelles de la race Hamra présentés dans le tableau 2.8 montrent un dimorphisme sexuel pour tous les indices à l'exception observé de l'Indice longueur.

En outre, la race Hamra a montré ;

Une hauteur au garrot plus élevée que celle de la croupe avec une inclinaison modérée chez les femelles (2,35) et plus marquée chez les mâles (4,26) ;

L'indice de longueur (environ 1,3 chez les mâles et les femelles) donne un aspect long du corps pour la race ;

L'indice de largeur est de 0,87 chez les mâles montre que les mâles sont plus larges au niveau de la poitrine qu'au niveau des hanches et 1,05 chez les femelles indiquant que la largeur de la hanche et de la poitrine sont assez semblables chez les femelles avec un petit avantage pour la largeur des hanches ;

L'indice de profondeur (environ 0,45 chez les mâles et les femelles) indique une profondeur modérée de la poitrine ;

L'indice de hauteur au niveau des membres antérieur révèle que cette race est moyennement haute sur pattes.

L'indice de balance montre un grand développement du train postérieur chez les femelles (0,67) lors que les mâles sont plus développés en avant (0,54).

L'indice cumulé est un indicateur utile de la valeur globale parce qu'il combine morphologie et structure et donne une image précise du type de race. Cette valeur est relativement fixe au cours de la vie des animaux et peut être utilisée chez les jeunes animaux pour prédire le mérite des adultes pour la sélection des animaux reproducteurs potentiels [15], [84].

Cet indice indique à quel point l'animal est compact. Les animaux de type viande ont des valeurs supérieures à 3,15. Une valeur proche de 2,75 indique un double usage et une valeur proche de 2,60 indique que les animaux sont mieux adaptés à un usage laitier [102], [103].

Dans notre étude, nous avons trouvé un index cumulé de l'ordre de 5,20 pour les femelles 4,99 pour les mâles et cela indique globalement que la race Hamra a une conformation de race à viande et se situe derrière les races Ouled Djellal et la Rembi avec des valeurs de 5,62 vs 5,33 et 5,35 vs 5,16 pour les femelles et les mâles respectivement [92], [93] et supérieures à ceux rapportées par Salako (2006) avec 2,80 chez la race West African Dwarf (WAD) 1,18 chez la race Yankasa au Nigeria et ceux rapportées par Handiwirawan et al. (2011) pour la race indonésienne avec 3,38 pour la race la plus performante Garut Composite (GC). De même pour la race La Ripollesa, race ovine la plus abondante en Catalogne en Espagne avec un Indice Cumulé de 3,0 [101].

CONCLUSION

Les mesures multiples (21 variables quantitatives et 15 variables qualitatives) ont permis une caractérisation fine de la race Hamra fournissant ainsi, des informations actuelles et essentielles pour définir cette race à viande selon les recommandations de la FAO [1], et est devenue une source pertinente d'informations de base pour soutenir les futurs programmes de conservation et de sélection de la race ovine Hamra.

Pour les paramètres quantitatifs, nous avons observé une différence hautement significative entre les béliers et les brebis, et cela pour l'ensemble des paramètres étudiés.

En résumé, Selon les traits partagés par la majorité des individus dans notre étude, la race Hamra peut être décrite comme suit : C'est une race à viande, eumétrique avec un poids vif moyen de 43.15 kg chez la femelle, le dos droit caractérisé par une hauteur au garrot supérieure à la hauteur prise au niveau de la croupe, la tête est de couleur acajou foncé avec un profil de chanfrein droit, l'encolure est droite, les cornes spiralées présentes souvent chez les mâles et absentes généralement chez les femelles, les oreilles petites et sont couramment semi-horizontales, la queue de texture fine et petite s'arrête au-dessus ou au niveau du jarret, La couleur de la toison blanche dont l'étendue est semi-envahissante avec la tête, le cou et les membres dégagés de couleur acajou foncé. Voir figure 2.1 et figure 2. 2.

Nous pouvons affirmer que grâce aux efforts louables des responsables de la station de l'ITELV de Saida pour la conservation de la race ovine Hamra que le troupeau de la ferme pilote a pu résister aux invasions massives de la race Oueled-Djellal.

Nous pouvons conclure que ce troupeau peut constituer un noyau pour la conservation et la multiplication de la race dans son aire de répartition historique par l'utilisation des déferlantes techniques de biotechnologies liées à la reproduction surtout le transfert embryonnaire.



Figure 2.1 : Bélier de la race Hamra



Figure 2.2: Brebis de la race Hamra

2.3. Paramètres de reproduction de la race Hamra au niveau de la ferme de démonstration de l'ITELV à Saida.

L'étude des paramètres de reproduction d'une race constitue une étape importante dans la caractérisation phénotypique surtout le volet économique, car sans reproduction il n'y a pas de production.

Pour la race Hamra, il y a peu de travaux publiés sur les traits de reproduction [2], [9], [90], [99], [100], [105].

De même, la problématique de la mortalité des agneaux est difficile à estimer et à aborder en raison de l'absence d'enregistrement systématique et exhaustif des agneaux morts par les éleveurs et d'autre part à cause du manque d'information sur les pratiques des éleveurs.

Dans ce contexte que s'inscrit cette partie de notre travail qui analyse les données de la ferme étatique d'institut technique d'élevage (ITELV) d'Ain Hadjar de Saida en appliquant des méthodes d'estimation appropriées.

Les objectifs de cette partie sont ;

Estimation des paramètres de reproduction des brebis de la race Hamra au niveau de la station de démonstration de Saida à savoir ; la fertilité, la prolificité, la fécondité, le taux de mortalité à la naissance et le taux de mortalité au sevrage).

Etude de l'effet de quelques facteurs ; année, âge et poids de la mère, mode, sexe et poids à la naissance des agneaux sur le taux de mortalité des agneaux entre la naissance et le sevrage.

Afin d'utiliser ces paramètres de reproduction comme base de données solides et actualisées pour l'amélioration génétique de la race Hamra et l'élaboration d'une stratégie efficace de la préservation de cette race située dans un niveau d'extinction élevé.

2.3.1. Matériels et Méthodes

2.3.1.1. Description du lieu et durée d'étude

Les données liées à la reproduction des brebis de la race Hamra ont été collectées à la station expérimentale d'Aïn El Hadjar de l'Institut Technique des Elevages (ITELV) de la wilaya de Saida d'Algérie durant cinq campagnes allant de 2012 à 2016 avec 1024 agneaux nouveau-nés enregistrés.

La ferme est située à une latitude de $34^{\circ}45'30.07''\text{N}$ et longitude de $0^{\circ}7'6.30''\text{E}$ et à une altitude de plus de 1000 m.

2.3.1.2. Gestion de troupeau

A la naissance, les agneaux sont identifiés par une boucle et enregistrés sur un carnet d'agnelage ou sont inscrits la date de naissance, le numéro de l'agneau, les mortalités, les numéros et le poids de la mère, le sexe, le type de naissance d'agneau.

Après agnelage, les agneaux et leur mère sont séparés du reste du troupeau dans des boxes aménagés à cet effet et restent avec leur mère pour une durée de trois jours à une semaine, ensuite ils suivent leur mère au pâturage jusqu'au sevrage. Toutes les mortalités des agneaux ayant survécu tant à la naissance, comme entre la naissance et l'âge de sevrage (3 mois) ont été consignées.

Des vaccins et des traitements prophylactiques ont été apportés aux animaux pour prévenir l'entérotoxémie, la clavelée ainsi que les problèmes de parasitisme interne et externe.

2.3.1.3. Paramètres étudiés

Les données relatives aux performances de reproduction des brebis de la race Hamra, ont été étudiées, l'analyse concerne principalement le taux de fertilité, le taux de prolificité, le taux de fécondité, le taux de mortalité à la naissance (TMN) et le taux de mortalité au sevrage (TMS) calculés par les équations suivantes selon Leborgne (2014) [106] ;

Taux de fertilité = Nombre de femelles mettant bas X 100/ Nombre de femelles soumises à la reproduction.

Taux de prolificité = Nombre de petits nés X 100/ Nombre de femelles ayant mis bas.

Taux de fécondité = Nombre de Petits nés X 100/ Nombre de femelles soumises à la reproduction.

TMN = nombre des agneaux nés mort X 100 / nombre d'agneaux total (mort et vivant)

TMS= nombre des agneaux mort de la naissance au sevrage 100 / nombre d'agneaux total (mort et vivant)

TMNS= TMS - TMN

Pour le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage (TMNS) des compagnes allant de 2012 à 2016, nous avons fait une analyse univariée de l'ensemble des facteurs envisagés dans cette étude (année, poids et âge de la mère, mode, sexe et poids à la naissance des agneaux sur le TMNS, suivie d'une régression logistique binomial des différents facteurs sur le TMNS.

2.3.1.4. Analyse statistique

Après le dépouillement et l'encodage des données saisies à partir de Microsoft Excel, une élimination des individus qui possèdent des valeurs manquantes ou aberrantes pour les facteurs étudiés a été effectuée, puis les données finales ont été analysées avec le logiciel R version 3.6.0, pour l'ensemble de l'étude statistique (test de coefficient de corrélation, test de qui-deux et régression logistique).

En fin le TMNS (variable binomiale ; mort vs vivant) a fait l'objet d'une analyse de variance par une régression logistique à cinq facteurs ; l'année de la naissance (de 2012 à 2016), le poids de la mère (< 40 Kg, ≥ 40Kg et < 48 Kg et ≥ 48 kg), l'âge de la mère (jeunes < 3 ans, adultes ≥3 et < 5 ans et âgées ≥ 5 ans), mode de naissance (double, simple) et poids à la naissance (<3 kg, ≥ 3 et ≤ 4kg, >4kg).

Les variables significatives à $P < 0,20$ dans les analyses univariées ont été codées et utilisées dans le modèle de régression logistique. Le facteur sexe été écarté car nous n'avons pas trouvé un effet significatif de sexe sur le TMNS dans cette étude.

Le seuil de différence significative utilisé était ($p < 0,05$).

2.3.2. Résultats et discussion

L'ensemble des paramètres des reproduction étudié dans cette partie est déduit à partir des fiches d'enregistrement de la station ou ils ont mentionné le nombre de brebis mises à la lutte, le nombre de brebis ayant mis- bas, nombre d'agneaux nés à terme, nombre d'agneaux mort-nés et le nombre d'agneaux mort pré de sevrage, voir tableau 2.9, pour les années 2012, 2013, 2014, 2015 et 2016.

Tableau 2.9 : tableau descriptif des données de paramètres de reproduction

Année	Nombre de femelles mises à la lutte	Nombre de femelles ayant mis- bas	Nombre d'agneaux x nés à terme	Nombre d'agneaux mort-nés	Nombre d'agneaux mort avant sevrage
2012	152	120	165	11	35
2013	241	195	256	21	67
2014	200	153	191	14	52
2015	235	186	208	21	38
2016	220	179	204	14	41

Le tableau descriptif des données de paramètres de reproduction montre que la station d'ITELV de Saida possède un effectif de femelles misent à la reproduction de la race Hamra pure assez important avec une moyenne de plus de 200 femelles mise à la reproduction chaque année qu'ont données naissance à 1024 d'agneaux

avec un maximum d'agnelage, mortalité à la naissance et mortalité au sevrage à l'année 2013 avec 256, 21 et 67 agneaux respectivement.

Un bon coefficient de corrélation positif (0,9) a été trouvé entre le nombre des agneaux mort-nés et le nombre des agneaux mort avant sevrage avec le nombre d'ensemble des agneaux nés à terme.

A partir du tableau 2.9 des données descriptives des paramètres de reproduction, nous avons pu calculé les différents taux de paramètres de reproduction par ans (fertilité, prolificité, fécondité, taux de mortalité à la naissance et le taux de mortalité au sevrage) selon les équations décrites par LEBORGNE AND TANGUY (2014) [106].

Ces taux sont mentionnés dans le tableau 2.10 avec une moyenne de 79,37%, 1,23, 98,3%, 7,82% et 22,59 % pour le taux de fertilité, taux de prolificité, taux de fécondité, taux de MN et le taux de MS respectivement.

Tableau 2.10 : Tableau des paramètres de reproduction étudiés

Année	Taux de fertilité (%)	Taux de prolificité	Taux de fécondité (%)	Taux de MN (%)	Taux de MS (%)	Taux de productivité numérique au sevrage (%)
2012	78,94	1,37	108,55	6,66	21,21	85,55
2013	80,91	1,31	106,22	8,20	26,17	78,42
2014	76,50	1,24	95,50	7,32	27,22	69,50
2015	79,14	1,11	88,51	10,09	18,26	72,34
2016	81,36	1,13	92,72	6,86	20,09	74,09
Moyenne	79,37	1,23	98,3	7,82	22,59	81,38

2.3.2.1. Taux de fertilité (%).

La fertilité d'un troupeau est l'aptitude de ce troupeau à être fécondé en un minimum de saillies ou d'insémination [107]. Le taux de fertilité est le premier facteur qui influe sur la production numérique.

Dans notre étude, Le taux de fertilité moyen était de l'ordre de 79,37 % avec des variations selon les années. Un maximum de 81,36% pour l'année 2016 et un minimum de 78,94 % pour l'année 2012.

Le taux de fertilité dans notre étude est moyen selon Augas et al (2010) [108] mais reste loin des objectifs de reproduction dans élevage ovins qui est de 95% selon Heinrichs et Radostits (2001) [109]

La variation entre les années n'est pas significative du point de vu statistique avec une valeur de $p > 0,05$. Cela peut être expliqué par la pureté de la race et la bonne conduite d'élevage de la station pour tous les femelles et pendant toutes les années d'études. En effet, [110] a démontré que lorsque la conduite d'élevage est favorable, la variabilité de fertilité prolificité et le taux de survie au sevrage est atténuée.

La comparaison de notre résultat avec les études publiés sur la même race montre que les résultats de notre étude se rapprochent aux résultats rapportés par [2] avec un taux de fertilité de 80%. Ils sont inférieurs à ceux décrits dans le standard de la race Hamra établi par [9] avec un taux de fertilité de 86% en automne et 83% en printemps, de même pour les travaux de [105] et [99] ont enregistré un taux de fertilité de 90-95% et de 95,4%-96,7% respectivement. Pareil, pour le taux de fertilité moyen rapporté par [111] pour la race Beni Ghil de Maroc qui était 85.9 %.

La comparaison de taux de fertilité enregistré dans notre étude avec le taux de fertilité les deux autres races ovines algériennes principales montre qu'il y a des variations de taux de fertilité enregistré pour l'ensemble des travaux publiés, en faveur de la race Ouled Djellal et Rembi dans la plupart des travaux publiés.

Pour la race Ouled Djellal, la race dominante en nombre en Algérie, nous avons observé un taux de fertilité de 60%, 68-77%, 73%, 80,9%, 83%, 84,45%,86,70%, 87%-89%, 88%, 89%, 91,04 mentionné dans les travaux de [112],[113], [114], [115], [116], [117] , [118], [119], [120], [110] et [121] respectivement.

Pour la troisième race ovine principale en Algérie, la Rembi, le taux de fertilité décrit dans le standard de la race Rembi établi par [122] était de 90 %.

La reproduction et notamment la fertilité, est influencée par de nombreux facteurs environnementaux tels que la saison, les conditions climatiques, la gestion, la santé, la nutrition, le ratio reproducteur bélier/brebis, l'âge de la brebis, la libido et la fertilité des béliers [123].

De même, La génétique et l'hérédité affectent la fertilité des animaux de ferme de diverses façons. Il existe des différences génétiques entre les différentes races et les différents types de moutons [124], [125]. C'est peu expliquer la différence entre les taux fertilité enregistrés entre les trois races ovines principales en Algérie.

Un autres facteur important l'âge, en effet les brebis matures ont des taux de fertilité et de conception plus élevés que les agnelles [124], [126]. Dans notre étude le pourcentage des femelles ayant un âge de 2 ans au moins était important de 18,93% qui peut expliquer une part de cette baisse de taux fertilité. En effet [99] ont trouvés que le taux de fertilité de brebis adultes de la race Hamra était de 95,4-96,7 % et seulement de 56 et de 77% chez les agnelles pour l'automne et le printemps respectivement.

De même, La mortalité embryonnaire et Les pertes de gestation sont plus importantes chez les agnelles que chez les brebis matures [127]. Ces pertes sont particulièrement présentes pendant les quatre premières semaines de la gestation, avec la possibilité de perte de 20 à 30% des ovules fécondés [125].

Poids des brebis au moment de la lutte, il est bien établi que des poids vifs plus élevés sont associés à une augmentation de la fertilité, du taux d'ovulation et/ou du taux de reproduction [128], [129], en effet [99] ont montré que le taux de fertilité varie selon le poids de la mère au moment de la lutte avec un taux de 79% et 88,5% pour les brebis ayant un poids de 36 et 40 Kg respectivement. Dans notre études le pourcentage des femelles ayant un poids vif inférieur à 40 Kg était de 12,62%.

Des températures élevées peuvent également affecter l'accouplement avec une activité sexuelle réduite. Le taux de conception est également réduit [125], en effet,

La wilaya de Saida est connue par un climat semi-aride caractérisé par des températures élevées qui dépassent les 40°C en été.

L'altitude influence de façon significative la fertilité, [114] a montré que la fertilité de la race Ouled Djellal varie selon l'altitude des élevages suivi, il a trouvé que les sites de 150 m présentent un meilleur taux de fertilité de 90% par rapport aux cotes de 600 m ou 1000 m avec un taux de fertilité de 68 et 62% respectivement. Et dans notre étude, la ferme se situe à une altitude de 1000 m ce que peut expliquer une partie de la baisse de fertilité enregistrée.

2.3.2.2. Taux de prolificité

La prolificité d'un troupeau est son aptitude à produire davantage de petits que le nombre de mères mettant bas [107].

Dans notre étude, Le taux de prolificité moyen était de l'ordre de 1,23 avec des variations selon les années, un maximum de 1,37 pour l'année 2012 et un minimum de 1,13 pour l'année 2016.

Le taux de prolificité dans notre étude est acceptable mais inférieur aux objectifs de reproduction dans un élevage ovins qui est de 1,5 à 2 selon [109]. Cette donnée dépend énormément de la préparation à la lutte. Il y a une augmentation du taux de naissances doubles lorsque la lutte se réalise dans des conditions optimums d'alimentation (flushing).

Les résultats de notre étude se rapprochent à ceux rapportés par [2], [99], [105] pour la même race la Hamra en Algérie qui ont mentionné une prolificité varie entre 1,1 et 1,20, et sont meilleures que ceux décrites par le standard de la race établie par [9] avec une prolificité de 1,15 en automne et 1,16 en printemps.

Nos résultats sont supérieurs que ceux enregistrés au Maroc pour la race Beni Ghil avec une prolificité de 1,07 et 1,09 pour l'étude de [130] et [111] respectivement.

La comparaison de taux de prolificité enregistré dans notre étude avec le taux de prolificité de deux autres races ovines algériennes principales montre qu'il y a des

variations de taux de fertilité enregistré pour l'ensemble des travaux publiés, en faveur de nos résultats pour l'ensemble des travaux publiés.

Pour la race Ouled Djellal, la race dominante en nombre en Algérie, nous avons observé un taux de prolificité de 1,05, 1,10, 1,09, 1,10, 1,11, 1,15, 1,16, 1,18, 1,19, 1,20, 1,26 et 1,43 pour travaux de [119], [131], [117], [120], [121], [118], [115], [114], [112], [110] et [116] respectivement.

Pour la race Rembi, nos résultats sont supérieurs à ceux décrits dans le standard de la race établie par [122] était de 1,15 et ceux de l'étude de [132] avec 1,08.

Cette variabilité de prolificité dépend principalement de génotype et de la race de la brebis [133], [134].

La pratique d'une bonne gestion de l'alimentation et surtout le flushing au moment de la lutte a permis d'enregistrer un taux de prolificité acceptable pour cette race. Car le placement des animaux dans des conditions plus ou moins bonnes de production, leur permettant d'extérioriser facilement leurs potentialités [125]. Pour cela, il faut une bonne alimentation en quantité et qualité, une meilleure préparation de la lutte, une bonne hygiène et prophylaxie et d'autres encore, sont indispensables. En particulier, la nutrition est l'un des principaux facteurs affectant le taux d'ovulation [125]. De même, [114] rapportent qu'une alimentation en quantité suffisante et de bonne qualité pendant la lutte pourrait favoriser les naissances doubles.

2.3.2.3. Taux de fécondité

La fécondité d'un troupeau est son aptitude à produire dans l'année le maximum possible de petits. C'est une aptitude globale, qui tient compte de la fertilité et de la prolificité et ramène cette productivité en petits à l'année [107].

Dans notre étude, le taux de prolificité moyen était de l'ordre de 98, % avec des variations selon les années avec un maximum de 106.22 % pour l'année 2012 et un minimum de 88.51% pour l'année 2015.

Les résultats de notre étude se rapprochent aux résultats décrits dans le standard de la race Hamra établie par [9] avec une fécondité de 98 % en Automne et 96% en

printemps et au Standard de la race ovine Ouled-Djellal [119] 98% pour la lutte d'automne et 87% pour la lutte de printemps, pareille pour le standard de la race Rembi décrit par [122] avec 95%.

2.3.2.4. Taux de mortalité

La mortalité élevée des agneaux avant le sevrage réduit considérablement l'efficacité et la rentabilité de la production d'agneau et est considérée comme un fléau économique.

Le taux de mortalité des agneaux avant le sevrage est en moyenne de 10 à 30 % dans de nombreux troupeaux dans le monde à savoir Australie : 10-20% [135], Nouvelle-Zélande : 3-25% [136], USA 24,1 % [137], Royaume-Uni 10-25% [138]–[140], France ; 10-20% [133], [141], [142], Ethiopie : 20- 28%, [143], [144], Kenya : 20% [145],Pakistan 9-12% [146], Ce qui représente une perte économique importante pour les agriculteurs.

La réduction de la mortalité de l'agneau ne peut être obtenue qu'en identifiant et en ciblant ses causes spécifiques. En effet, nombreuses études portées [146]–[150] ont mis en évidence l'influence de multiples facteurs sur le taux de mortalité des agneaux qui sont similaires dans tous les pays et comprennent une variété de facteurs d'origine infectieuse ou non infectieuse qui peuvent agir seuls ou en interactions ;

Les mortalités d'origine infectieuse incluent les affections respiratoires, arthrites et les nombrils, problèmes digestifs comme les diarrhées, Ballonné et l'entérotaximie,

Les mortalités d'origine non infectieuses regroupent plusieurs facteurs qui on peut les classés en trois catégories ;

- a) Facteurs liés à la mère ; génétiques et la race de la brebis, problèmes de mis bas et dystocies, maltraitance des mères, âge de la brebis, brebis sans lait, parité de la mère, un déficit de l'alimentation maternelle et du transfert placentaire et du colostrum, troubles du comportement (relation mère-jeune), poids de brebis et Brebis malade.
- b) Facteurs liés aux agneaux ; vigueur à la naissance, problème de tété, faible poids à la naissance, sexe de l'agneau, prise de colostrum, conformation des

agneaux, mode de naissance, une thermorégulation et une physiologie périnatale défectueuses.

- c) Facteurs liés à l'environnement ; exposition au froid, année, saison, gestion de l'alimentation, conditions climatiques, hygiène, accédants et écrasement.

La mortalité des agneaux est classiquement décrite par tranche d'âge [151], [152]. Bien que les bornes de ces tranches d'âge varient selon les études, un découpage a été admis en regroupant :

- La **mortalité prénatale** qui comprend les cas de mortalité embryonnaire, fœtale et avortement.

- La **mortinatalité** correspond aux agneaux qui meurent pendant la naissance et on parle d'agneaux mort-nés.

- La **mortalité postnatale** ou **mortalité néonatale** concerne les agneaux morts après la naissance et peut être découpée en trois phases ;

La mortalité postnatale immédiate (entre la naissance et 24, 48 ou 72 h selon les études),

La mortalité postnatale intermédiaire (entre 24, 48 ou 72 h et une semaine) et

La mortalité postnatale tardive (entre une semaine et un mois d'âge ou le sevrage). L'ensemble de cette mortalité est parfois décrit sous le terme de **mortalité périnatale** [151].

L'objectif de cette partie de notre travail était l'étude de l'effet de quelques facteurs non infectieux ; année, âge et poids de la mère, mode, sexe et poids à la naissance des agneaux sur le taux de mortalité des agneaux. Et à cause de manque de données détaillées au niveau de la ferme (cause de mortalité selon les tranches d'âge), nous sommes trouvés limités à calculer deux taux de mortalité des agneaux ;

Taux mortalité à la naissance (**TMN**) qui regroupe mortinatalité et la mortalité postnatale immédiate de 0-2 jours.

Taux de mortalité au sevrage (**TMS**) qui regroupe toutes les mortalités au sevrage, 3 mois dans notre étude.

Et à établir l'effet de déférents facteurs sur le taux de mortalité des agneaux entre la naissance et le sevrage (**TMNS**).

2.3.2.4.1. Taux de mortalité à la naissance (TMN)

Nous avons enregistré un taux moyen de 7,82 % de mortalité à la naissance avec des variations selon les années, l'année 2015 était l'année la plus touchée avec un pourcentage de 10,09 %. Ce taux représente 34,61% de taux globale de mortalité des agneaux. En effet les agneaux sont le plus vulnérable dans la période qui suit la naissance [133].

Les résultats de notre étude se rapprochent à ceux rapportés par CIMON et al (2005) [152] au Canada avec un taux de 9,42% et à l'étude de Gama et al (1991) [147] qui ont constaté que 8% des agneaux d'un troupeau aux États-Unis sont nés morts ou sont morts au cours de leur premier jour de vie [147]

De même, [137] ont trouvés un taux de mortalité périnatale élevée (35 % des mortalité globale) et ont montrés que ce taux varie selon le poids à la naissance, lieu de naissance, type de naissance et la race.

Pour la race, [149] ont dévoilé que les agneaux de race pure ont un risque plus élevé pour la mortalité prénatale par rapport aux agneaux de race croisée avec un taux de 8,95 % et 5,11 % respectivement. Et dans notre étude la ferme de Saida renferme des agneaux de race pure ce que peut expliquer une part de ce taux élevé.

Une autre explication possible en relation avec le pourcentage important des primipares de 18,93% dans notre étude, en effet FRASELLE (2012) [133] a démontré que le taux de mortalité des agneaux est généralement supérieur chez les brebis primipares.

2.3.2.4. 2. Taux de mortalité présevrage TMS

Nous avons enregistré un taux moyen élevé de 22,59 % de mortalité à la naissance avec des variations selon les années, l'année la plus touchée était l'année 2014 avec un pourcentage de 27,22 %. Ce taux reste quand même dans la fourchette de 10 à 30 % de taux de mortalité pré-sevrage enregistré dans de nombreux troupeaux dans le monde. En revanche, il est très loin de l'objectif décrit par [109] avec un taux de 5%.

Les résultats de notre étude se rapprochent aux résultats rapportés par [2] pour la même race la Hamra de l'Algérie avec un taux de mortalité avant le sevrage qui varié entre 20 et 25%.

Nos résultats sont supérieurs à ceux enregistrés au Maroc pour la race Beni Ghil avec un taux de 7%, 5,7% et 4% pour l'étude de [153], [111] et de [154] respectivement.

La comparaison de taux mortalité avant le sevrage enregistré dans notre étude avec les deux autres races ovines algériennes principales montre qu'il y a des variations importantes pour l'ensemble des travaux publiés, en faveur de la race Ouled Djellal. En effet, les travaux de [155], [131],[156],[110] ont enregistré un taux plus faible avec 6%, 9,35%, 13,05%, et 15,87% respectivement pour la race Ouled Djellal. Alors que les études de [117] et [115] ont montré un taux supérieur avec 32% et 34% respectivement pour la race Ouled Djallal, de même [157] a trouvé un taux moyen de 26.13 % pour les 50 élevages suivi dans la région de Tiaret.

La très grande diversité des systèmes de production et des périodes de mises-bas rend difficile les comparaisons entre études. Par ailleurs, les durées d'observation des agneaux sont très variables, comprises entre 10 jours et 100 jours d'âge. Il est donc difficile de comparer de manière objective les différentes études réalisées à ce sujet. Donc, il serait légitime d'envisager que l'augmentation de la période d'enregistrement augmenterait le taux de mortalité. Cependant, dans notre étude, le sevrage des agneaux se faisait en moyenne à 90 jours. En effet, Les élevages avec un sevrage précoce (30j ou 60 j) ont eu un taux de mortalité relativement plus faible [133].

Ces résultats peuvent être expliqués par ;

Le mode d'élevage, dans un élevage plus intensif les brebis sont plus sollicitées (plus d'agneaux en allaitement à la fois, mises bas plus fréquentes, ...). De plus, comme les agnelages et les manipulations sont plus fréquents, les risques de contamination et le stress sont plus importants [152].

L'environnement, les différences de mortalité pourraient être dues à une variation des facteurs environnementaux, y compris des différences de température, de gestion et d'accumulation d'organismes infectieux prévalant sur les sites respectifs de ces études [137], [146].

La taille des troupeaux a une influence sur le taux de mortalité néonatale. Ainsi, [158] a montré que la même analyse de groupe, le taux de mortalité se situait à 11,7 % pour les entreprises de 150 brebis et moins alors qu'il grimpeait à 27,6 % pour les entreprises possédantes entre 275 et 440 brebis. Et de notre étude l'effectif moyen pour les brebis mise à la reproduction était de 220 femelles par an, en effet nous avons enregistré le nombre le plus élevé de mortalité pré-sevrage à l'année 2013 (67 agneaux) ou l'effectif était le plus important avec 241 femelles mise à la reproduction.

Les mêmes observations ont été signalées par [157] qui a enregistré des taux les plus importants de mortalité avant le sevrage de 30.32 %, 29.24 % et 31 % respectivement pour les années 2003, 2004 et 2005 pour le élevage avec l'effectif le plus important (plus de 800 têtes) ce qui semble montrer que le taux de mortalité augmente avec la croissance de la taille du troupeau [152].

La génétique et la race, [134], [137] ont montré que le risque de mortalité au sevrage variait d'une race à l'autre, certains animaux de race pure présentant un risque de mortalité plus élevé. Les agneaux croisés peuvent avoir de meilleurs taux de survie que les agneaux de race pure leur plus grande diversité génétique améliorant les taux de survie, De même, [133], [144], [159] ont mentionné que sur la base d'observations de différentes races élevées dans des conditions d'élevage identiques, une composante génétique, liée aux effets directs et aux effets maternels, est longtemps suspectée dans la survie des agneaux et dans notre étude le cheptel est de race Hamra pure.

La mortalité néonatale des agneaux dans les troupeaux de moutons augmente considérablement avec l'augmentation de la taille moyenne des portées dans les troupeaux [133], [141], [159], [160].

2.3.2.4.3. Effet des facteurs (année, âge et poids de la mère, sexe, type de naissance et poids d'agneaux à la naissance) sur le TMNS

La productivité des ovins dépend fortement de la survie des agneaux de la naissance au sevrage et ce paramètre technique à un impact direct sur le nombre d'agneaux vendus et, par le fait même, sur les revenus des élevages.

Les travaux réalisés en Algérie sur cette race sont anciennes [2] et rapportent uniquement des taux de mortalité sans aborder les facteurs de risque spécifiques en rapport avec la vigueur du nouveau-né, la physiologie périnatale et le comportement animal.

Dans cette partie, nous nous sommes intéressés à l'examen des effets des facteurs (année, âge et poids de la mère, sexe, type de naissance et poids d'agneaux à la naissance) sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage.

Pour cela nous avons procédé à une analyse univariée pour établir l'effet de chaque facteur, puis éliminer les facteurs non significatifs (facteur sexe dans notre étude) pour faire une régression logistique binomiale à cinq facteurs ; l'année de la naissance (de 2012 à 2016), le poids de la mère (< 40 Kg, ≥ 40Kg et < 48 Kg et ≥ 48 kg), l'âge de la mère (jeunes < 3 ans, adultes ≥3 et < 5 ans et âgées ≥ 5 ans), mode de naissance (double, simple) et poids à la naissance (<3 kg, ≥ 3 et ≤ 4kg, >4kg), dont les limites des classe pour les variables quantitatifs était (moyenne – ecartype, moyenne et moyenne + ecartype) pour les variables suivant poids à la naissance des agneaux, âge et poids de la mère.

Les résultats détaillés d'analyse univarié avec leurs significations sont présentés dans le tableau 2.11 suivant ;

Tableau 2.11: Effet des facteurs (année, Age et poids de la mère, sexe, type de naissance et poids d'agneaux à la naissance) sur le TMENS.

Facteur	Modalité	N vivant	N Mort	TMENS (%)	P
Année	2012	132	9	06.38	< 0.05
	2013	188	26	12.14	
	2014	140	37	20.90	
	2015	168	18	09.67	
	2016	164	27	14.13	
Age de la mère	< 3 ans	150	31	17.12	< 0.05
	> 3 ans et < 5 ans	385	40	9.41	
	> 5 ans	257	46	15.18	
Poids de mère	> 40 Kg	100	25	20	< 0.05
	< 40 et > 48 Kg	450	70	13.46	
	> 48 KG	242	22	08.33	
Sexe	Femelle	407	54	11.71	0.338
	Males	385	63	14 .06	
Type de naissance	Double	57	188	23.26	< 0.05
	Simple	60	604	09.03	
Poids à la naissance	> 3 Kg	25	61	29.06	< 0.05
	< 3 et> 5 kg	85	654	11.50	
	> 5 Kg	7	77	8.33	

2.3.2.4.3. 1. Année

Dans notre étude, nous avons trouvés une différence significative de l'année sur le taux de mortalité des agneaux entre la naissance et le sevrage, avec un pourcentage le plus élevé 20.90 % en 2014. Voir figure 2.3

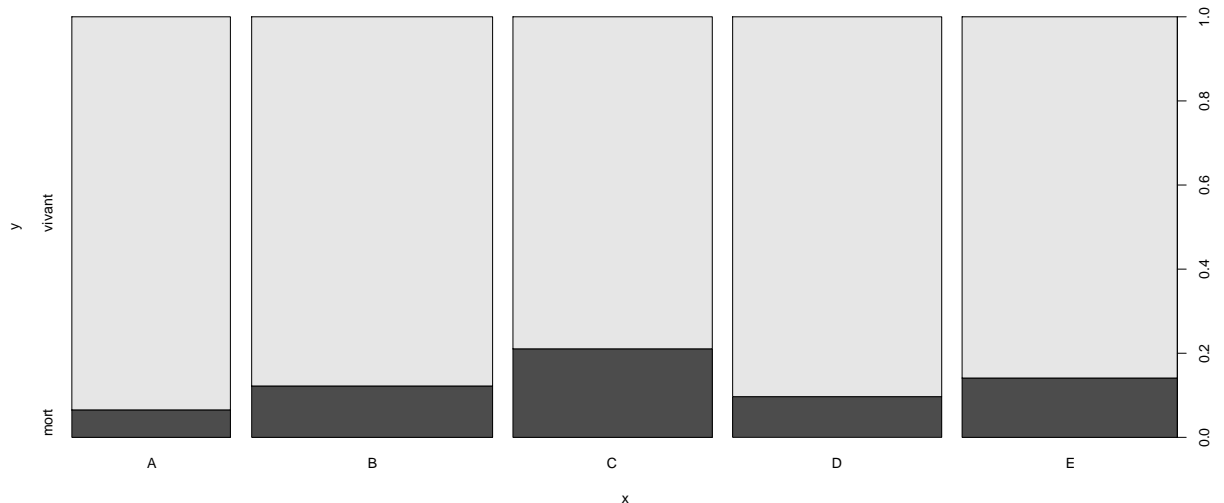


Figure 2.3 ; Effet de l'année sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage chez la race Hamra dans la ferme d'ITELV de Saida.

Toutes les études consultées et concernées par l'effet de l'année sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage ont montré un effet significatif [137], [141], [144], [154], [161]–[163].

Cela peut refléter des différences dans les conditions d'entretien, l'alimentation, l'intensité du travail de reproduction [159]. En effet, il existe également des variations d'une année à l'autre en raison des précipitations inégales qui ont affecté le développement des pâturages et, par conséquent, des variations dans l'état corporel des brebis gravides [161].

2.3.2.4.3. 2. Age de la mère

L'âge de la mère a montré une influence significative sur le taux de mortalité des agneaux entre la naissance et le sevrage ou les femelles adultes âgées entre 3 ans et 5 ans ont enregistrées le taux le plus faible avec un pourcentage de 9.41 % par rapport au femelles jeunes < 3 ans et femelles âgées de 5 ans et plus avec 17.12 % et 15.18 % respectivement ; figure 2.4

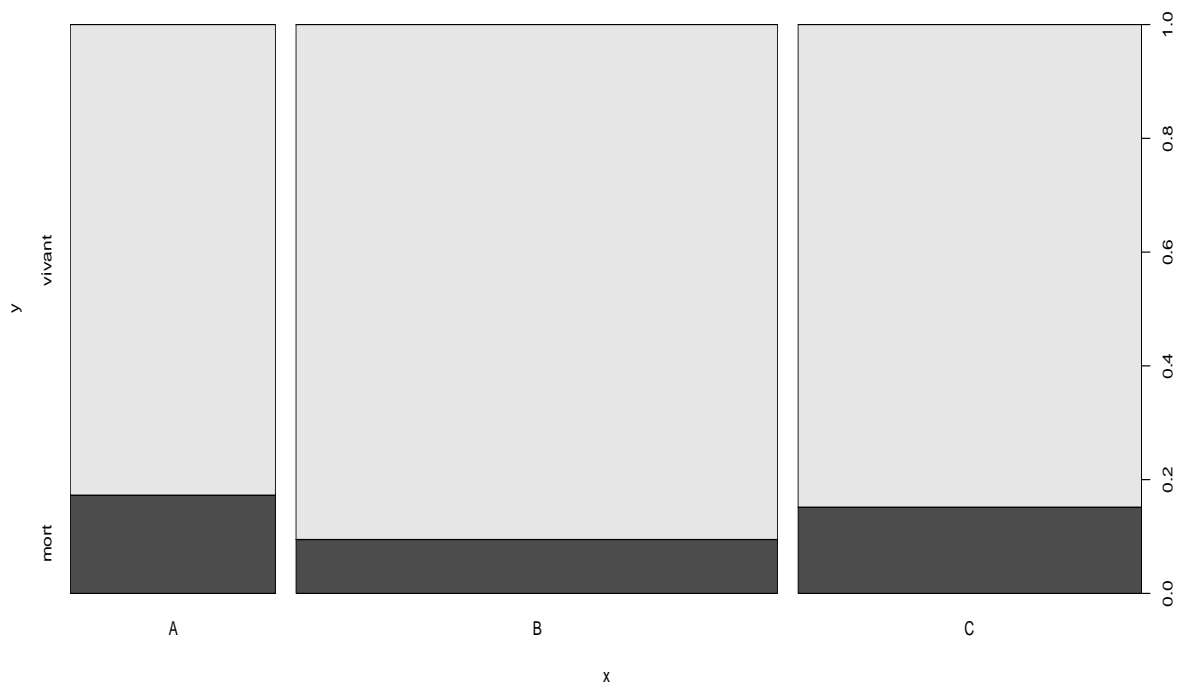


Figure 2.4 : Effet de l'âge de la mère sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage chez la race Hamra dans la ferme d'ITELV de Saida.

Cet effet significatif était observé aussi dans plusieurs travaux [124], [133], [166]–[168], [134], [151], [154], [159], [161], [163]–[165].

L'âge de la brebis lors de la mise bas a une influence sur la mortalité des agneaux. Le taux de mortalité est généralement supérieur chez les agneaux issus de jeunes brebis primipares et les brebis de plus de 6 par rapport aux brebis âgées de 3 à 5 ans [133]. De même, On dit souvent que la mortalité des agneaux nés des agnelles est plus élevée que celle des brebis nées de brebis matures. En effet, [124] ont

montré que les taux de mortalité des agneaux nés des agnelles se situent entre 12 et 60 %.

[147] montrent que l'interprétation des effets de l'âge total sur la mortalité est complexe et peut s'expliquer par la combinaison de différents facteurs de risque : faible poids des agneaux, dystocie, comportement maternel et la production de colostrum [124], [161], [167]. En effet, l'utérus est plus petit chez les jeunes animaux qui agnèlent pour la première fois conduisant à la naissance des agneaux de faible poids, qui sont plus affectés par des conditions climatiques extrêmes et le manque de nutrition surtout le colostrum [161]. De plus, Les primipares ont un comportement maternel moins développé, un temps de parturition plus long (risque de dystocie) et une production de colostrum plus faible en quantité et de moindre qualité [141], [151], [166].

Le taux de mortalité peut être accentué par le mode d'élevage pratiqué qui consiste à élever les brebis primipares dans l'ensemble du troupeau sans qu'elles bénéficient de l'accès à un box d'agnelage [169].

Les brebis plus âgées perdent habituellement leurs dents, et ont tendance à compromettre la reproduction pour leur survie [161]. De même l'augmentation de la mortalité des brebis de rang d'agnelage supérieur à 5 pourrait s'expliquer par un risque cumulatif accru de troubles sanitaires divers (mammites, décrochement de la mamelle), une production de colostrum et de lait réduite et une capacité de récupération après l'agnelage moins importante [141].

2.3.2.4.3.3. Poids de mère

Le poids de la mère a enregistré un effet significatif sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage ou les femelles avec le poids le plu faible > 40 Kg ont montré le plus haut pourcentage de mortalité des agneaux avec 20 % ; figure 2.5, nous avons observé aussi que le taux de mortalité avait une association linéaire inverse le poids de la mère.

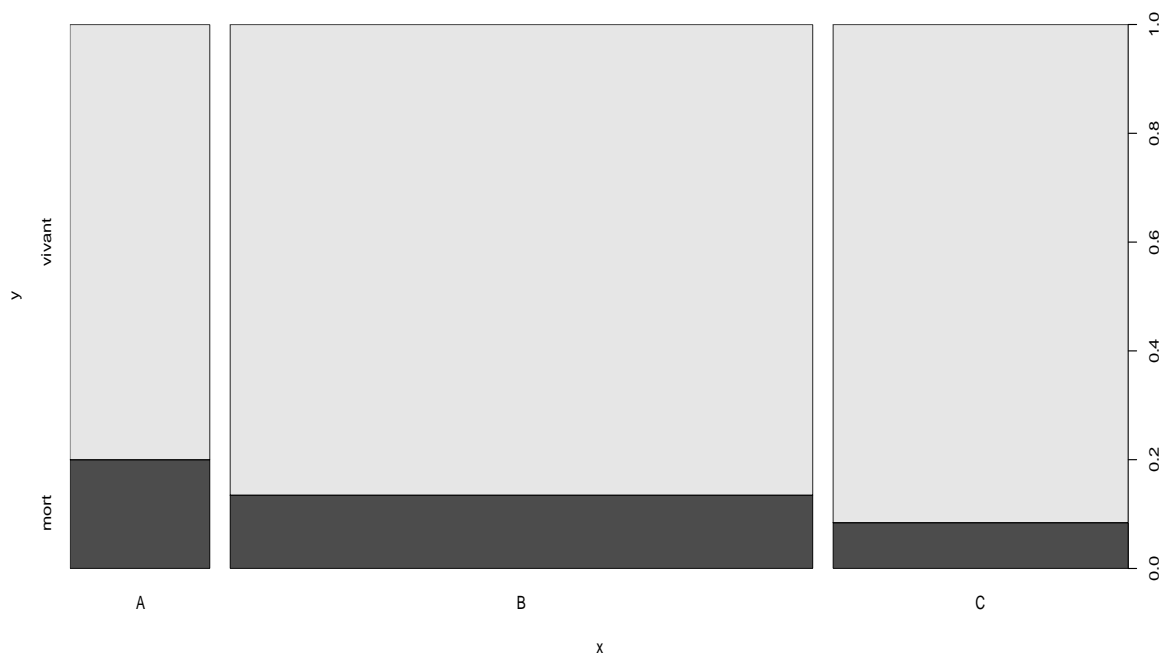


Figure 2.5 : Effet du poids de la mère sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage chez la race Hamra dans la ferme d'ITELV de Saida.

En général, le poids corporel de la mère a un effet sur la mortalité des agneaux [159], [165]. En effet, les brebis de faible poids ne sont pas suffisamment mûres physiologiquement pour supporter le stress reproductif [161]. De plus, les brebis dont l'état corporel n'est pas optimal sont prédisposées à la toxémie de la gestation et à la production de colostrum de qualité inférieure ; ainsi, leurs agneaux sont plus sensibles aux infections et à la mort [164].

2.3.2.4.3.4. Sexe de l'agneaux

L'effet de sexe sur le taux de mortalité des agneaux entre la naissance et le sevrage n'était pas constaté dans notre étude avec un $p > 0,05$. Et cela malgré que les males ont enregistré un taux plus élevé avec 14 .06 % par rapport aux femelles avec 11.71% figure 2.6.

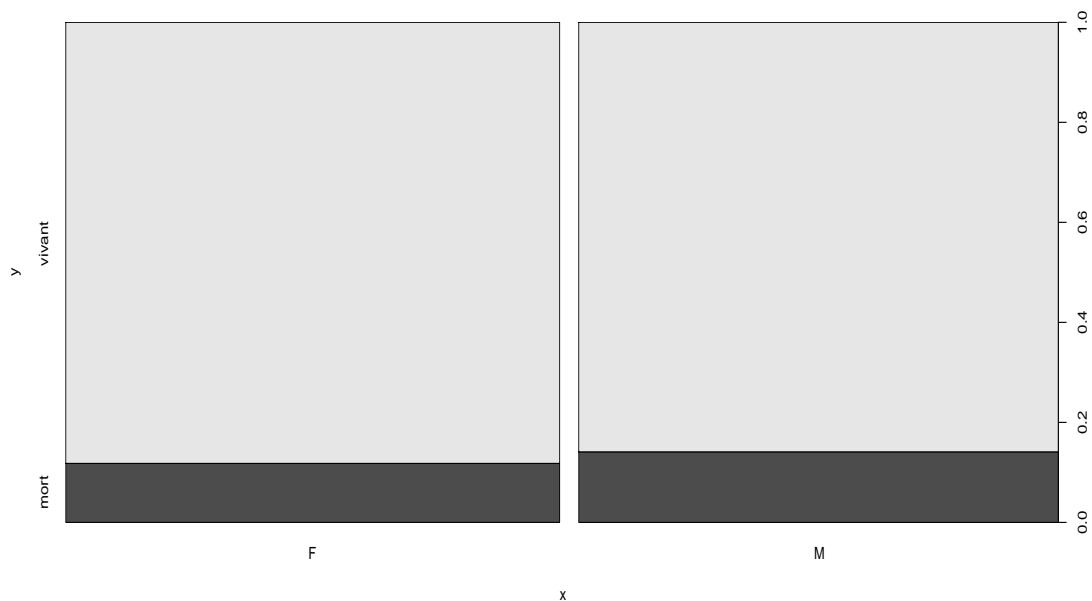


Figure 2.6 : Effet de sexe sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage chez la race Hamra dans la ferme d'ITELV de Saida.

Cet effet est controversé dans les travaux publiés, certains auteurs infirment l'effet significatif du sexe de l'agneau sur la mortalité des agneaux entre la naissance et le sevrage comme [146], [150], [159], [161], [163], [170], alors que d'autres le confirment comme [133], [137], [141], [144], [147], [151], [154]. Cet effet, retrouvé chez de nombreuses espèces, est difficilement explicable biologiquement [141].

Cela peut être une conséquence indirecte d'un plus grand nombre de problèmes de dystocie chez les mâles de plus grandes dimensions corporelles, probablement due à une dystocie résultant d'une incompatibilité entre la taille de l'agneau et les dimensions du bassin maternel, entraînant la mort des agneaux lourds à la mise

bas ou peu après et les agneaux lourds qui ont survécu au stress de la parturition et la première heure après l'accouchement subiraient les effets continus d'un accouchement difficile en termes de diminution de la pulsion de tétée et de rejet maternel [133], [147].

2.3.2.4.3.5. Type de naissance

Le type de naissance ou mode de naissance (double ou simple) a affecté significativement le taux de mortalité des agneaux entre la naissance et le sevrage avec un taux élevé pour les agneaux nés doubles. Figure 2.7, nous avons constaté que les agneaux nés doubles ont un taux de mortalité de 23.26 % par rapport aux agneaux nés simples 9,03%.

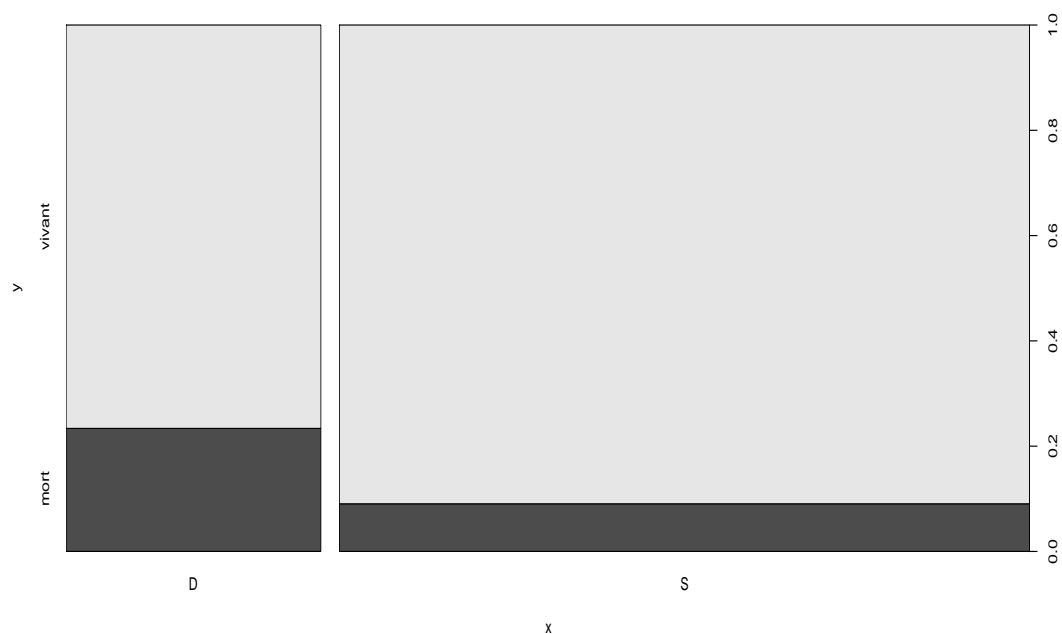


Figure 2.7 : Effet de type de naissance sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage chez la race Hamra dans la ferme d'ITELV de Saida.

La relation négative entre la taille de portée et la survie des agneaux a été rapportée chez plusieurs races ovines [133], [134], [150], [151], [154], [159], [163], [170].

La raison probable est le poids plus faible des jumeaux à la naissance, ainsi que leur accès plus difficile aux mamelles et leur contact avec la mère. Le type de naissance est généralement associé au poids corporel, il est plus faible chez les jumeaux [159]. En effet, Les agneaux nés seuls sont généralement plus lourds à la naissance que les agneaux nés double fois et ils peuvent recevoir plus d'attention de la mère [137], de plus, les agneaux multiples font souvent l'objet de déficit transplacentaire des nutriments pendant leur vie fœtale ce qui limite les réserves corporelles et réduit le poids de naissance [169].

2.3.2.4.3.6. Poids d'agneau à la naissance

Le poids d'agneau à la naissance a une influence significative sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage, nous avons remarqué que les agneaux nés avec le plus faible poids (> 3 Kg) ont enregistré le taux le plus élevé de TMNS avec plus de 29 % et ce taux a diminué avec l'augmentation de poids des agneaux nouveau nés avec 11.50% pour les agneaux nés avec un poids entre 3 et 5Kg et 8.33 % pour les agneaux nés avec 5 Kg du poids vif respectivement. En effet, Le pourcentage de mortalité néonatale a diminué de façon linéaire avec l'augmentation du poids des agneaux à la naissance. Figure 2.8.

Le poids de naissance demeure le facteur de risque le plus important et reconnu dans l'ensemble de la littérature [133], [137], [144], [147], [151], [157], [159], [161], [163], [170], il apparaît cependant comme le facteur le plus explicatif [151]. De même, Le poids à la naissance était le meilleur prédicteur de la mortalité des agneaux dans laquelle les agneaux de poids intermédiaire pour chaque race avaient la plus faible mortalité [147].

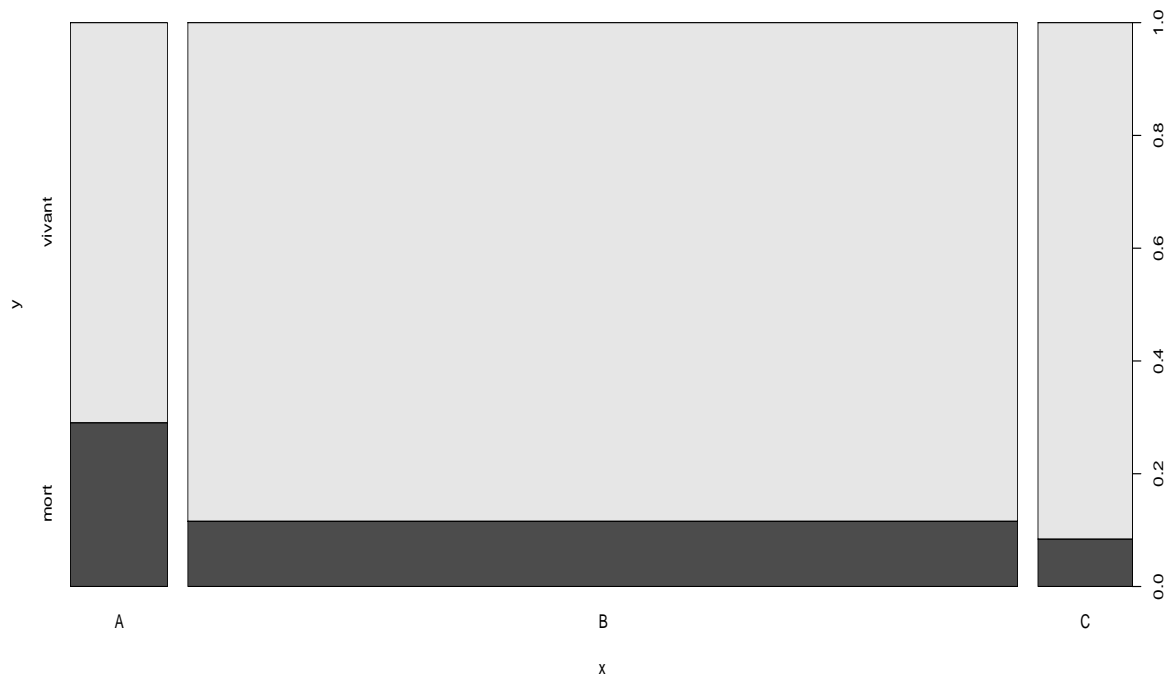


Figure 2.8 : Effet de poids des agneaux à la naissance sur le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage chez la race Hamra dans la ferme d'ITELV de Saida.

L'effet de poids sur la naissance et la mortalité des agneaux pré-sevrés était très remarqué pour les agneaux de faible poids à la naissance dans notre étude, en effet les agneaux de faible poids à la naissance étaient physiquement faibles et plus susceptibles de naître avec une vigueur faible qui rend le taux élevé de mortalité dans cette catégorie, cela peut être expliquer par le fait que ;

les agneaux de faible poids à la naissance n'étaient pas capables d'allaiter suffisamment de colostrum ; en conséquence, la concentration d'Ig dans leur sérum est restée faible, ce qui a pu entraîner une faible immunité et une mortalité accrue chez ces agneaux [137], [146], [161]

les agneaux de faible poids à la naissance sont plus lents à se tenir debout que les agneaux plus lourds et à téter moins souvent, ce qui peut entraîner la privation de nourriture et une mortalité accrue [137], [147], [161], [171].

La vigueur de l'agneau influe significativement sur l'expression du comportement néonatal ainsi que sur la reconnaissance mère-jeune. Se mettre debout, chercher les mamelles et la rapidité des premières tétées sont des éléments vitaux pour l'agneau nouveau-né. Un retard d'allaitement perturbe la mise en place des liens mère-jeune et contribue au rejet de l'agneau par la mère et sa mort à cause de la faim [172].

les agneaux de faible poids possèdent moins de réserves lipidiques et ont des faibles valeurs de la température rectale, de la concentration plasmatique de cortisol et de glycémie et d'immunoglobulines ce qui les prédispose à l'hypothermie et l'inanition et compromet leur survie [151], [172], [173].

Enfin, Les agneaux plus petits étaient plus sujets aux maladies respiratoire et digestifs et les accédants ce qui les prédispose à tous les défis environnementaux possibles (Gama et al. 1991).

2.3.2.4.3.7. Régression logistique de taux de mortalité des agneaux entre la naissance et le sevrage

Dans cette partie nous avons opté pour faire une analyse de variance via une régression logistique binaire par la méthode de sélection descendante pas à pas, avec l'utilisation de AIC (*Akaike Information Criterion*) comme indicateur pour prédire le modèle le plus explicatif de la variable binomial, le taux de mortalité des agneaux entre la naissance et le sevrage avec deux entrées (mort, vivant), plus l'AIC sera faible, meilleure sera le modèle.

L'ensemble des facteurs explicatifs qu'ont montré un effet significatif sur le TMNS ; l'année de la naissance (de 2012 à 2016), le poids de la mère (< 40 Kg, ≥ 40Kg et < 48 Kg et ≥ 48 kg), l'âge de la mère (jeunes < 3 ans, adultes ≥3 et < 5 ans et âgées ≥ 5 ans), mode de naissance (double, simple) et poids à la naissance (<3 kg, ≥ 3 et ≤ 4kg, >4kg) ont été étudiés.

Les résultats de cette régression logistique binaire sont résumés dans la (figure 2.9) avec les valeurs ; intercept, des Odds Ratio (OR également appelés rapports des cotes) et leurs intervalles de confiance ainsi que la signification de chaque modalité des variables explicatifs concernés.

Le modèle final concernant le taux de mortalité entre la naissance et le sevrage dans notre étude était ; **TMNS ~ mn + agc + years + pnc + pmc**

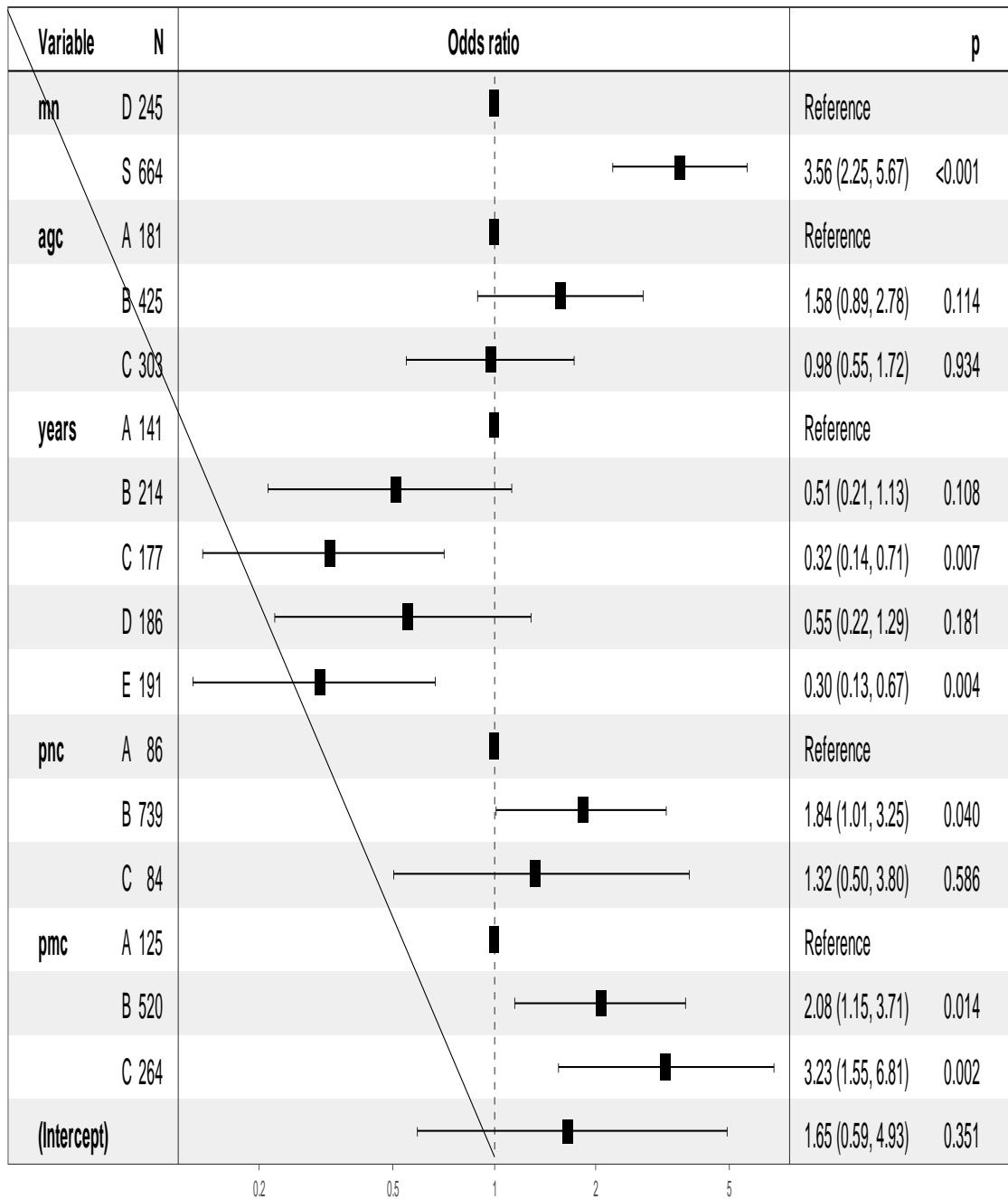


Figure 2.9 : forest model de la régression logistique des TMNS des agneaux de la race Hamra selon ; année, âge et poids de la mère, mode et poids à la naissance d'agneau.

Les résultats de cette analyse nous montrent que la chance de survie a été plus élevée par deux fois et demi chez les agneaux issus d'une naissance simple par rapport les anneaux issus d'une naissance double (OR=3,56, IC95% : 2.25-5.67, $p < 0.001$). Par ailleurs, nous avons constaté que les anneaux qui sont nés en 2016 ont un risque de mortalité plus faible de 70% par rapports les anneaux qui sont né en 2012 (OR=0.30, IC 95% : 0.13-0.61, $P=0.004$). Toutefois, aucune différence significative n'a été enregistrée entre les années 2013, 2014, 2015 et 2012. Ainsi, les anneaux ayant un poids à la naissance entre 3 et 4 kg ont enregistré un taux de survie plus élevé de 84% en comparant par les anneaux ayant un poids inférieur à 3 kg (OR=1.84, IC 95% : 1.01-3.025, $P=0.04$). Cependant, nous n'avons pas pu enregistrer une différence entre les anneaux ayant un poids supérieur à 4 kg et les anneaux ayant un poids inférieur à 3 kg. De même, le poids des mères avait une influence sur le taux de mortalité chez les petits. La chance de survie a été plus élevée, en effet, chez les agneaux issus des mères ayant un poids entre 40 et 48 kg par 1.08 fois (OR=2.08, IC 95% : 1.15-3.71, $P= 0.014$) et par 2.23 fois pour les anneaux issus des mères ayant un poids est supérieur à 48 kg (OR=3.23, IC 95% : 1.55-6.81, $P= 0.002$) par rapport les anneaux issus des mères ayant un poids inférieurs à 40 kg. Cependant l'âge de la mère n'a pas eu une influence sur le taux de mortalité des agneaux entre la naissance et le sevrage dans ce modèle final de régression logistique, nous avons trouvés que les brebis âgées entre 3 et 5 ans ont enregistré un taux de survie de 0,50 fois par rapport aux mères de moins de 3 ans avec (OR=1,58, IC 95% : 0,89-2,78) mais cette supériorité n'était pas significative du point de vue statistique avec un $p=0,114$, la même chose était constatée pour les brebis de plus de 5 ans avec (OR=0,98, IC 95% : 0,55-1,72 et un $P=0,9334$).

CONCLUSION ET RECOMMANDATIONS

Nos résultats, confirment dans leur ensemble ceux d'autres études, et permettent d'apporter un éclairage nouveau sur la part relative de chaque facteur étudié, la fertilité, prolificité, fécondité et le taux de mortalité des agneaux de la race Hamra dans un ferme étatique avec un mode de reproduction intensif et à la lumière de nos résultats, nous pouvons conclure que :

Le taux fertilité enregistré était moyen et doit attirer l'attention des responsables de la ferme et faire l'objet de son amélioration par les pratiques suivantes ;

Choisir rigoureusement les agnelles de remplacement.

Les agnelles doivent être luttées à part avec des béliers expérimentés sous peine de pénaliser la fertilité.

Ecarter les brebis ayant un poids corporel inférieur de la reproduction.

Les brebis gestantes ayant un poids corporel plus faible ont besoin de soins et d'une alimentation complémentaire de haute qualité afin qu'elles puissent maintenir leurs gestations

Le recours à la synchronisations des chaleurs qui peut améliorer le taux de fertilité jusqu'au 100% au sien de cette race [174].

En fin, l'amélioration de la fertilité et la productivité des ovins se base essentiellement sur le choix des brebis de bonnes performances et qui produisent des agneaux vigoureux.

Le taux de mortalité des agneaux dans cette étude était élevé et sa réduction à un niveau acceptable de 4 à 5 % devrait être la priorité numéro un. Notre étude a indiqué que la mortalité pré-sevrage chez les ovins est un caractère complexe régi

par de nombreux facteurs tels que l'année de naissance, l'âge et le poids de la mère, le poids et le mode de naissance des agneaux.

Cela nous oriente à suggérer certaines recommandations pour l'amélioration de la survie des agneaux au sevrage et contribuer à une gestion rationnelle des animaux.

Améliorer les soins et la gestion (alimentation complémentaire de haute qualité) des agnelles, de brebis de faible poids corporel et des brebis âgées plus de 5 ans.

Appliquer des soins intensifs pour les agneaux de faible poids à la naissance, on met l'accent sur le contrôle et la surveillance efficace du développement des liens avec la mère, de tétée, de supplémentation en lait de remplacement et de logement approprié pour prévenir le froid et le vent et les accidents.

La distribution d'une alimentation adéquate des brebis gestantes selon le nombre de fœtus par conception est une voie prometteuse pour l'amélioration du poids à la naissance.

La prévision et la mobilisation de techniciens pour la prise en charge des mises bas de nuit est nécessaire.

La synchronisation de chaleurs est une technique fiable qui peut avoir des perspectives en diminuant la charge de surveillance humaine pendant la période postnatale et ainsi de réduire les besoins en main d'œuvre. La surveillance est ainsi améliorée et la mortalité des agneaux diminuée.

La sensibilisation des acteurs de la filière et des éleveurs à la mise en place d'enregistrements spécifiques dans les carnets d'élevage sur la fertilité et la mortalité des agneaux semble nécessaire pour mieux évaluer des performances et des carrières de reproduction en élevage ovin.

Enfin, les résultats de cette étude ont permis d'apporter des informations importantes et actualisées pour contribuer à la caractérisation de la Hamra, ces données peuvent être très utiles pour élaborer un schéma de sélection de cette race en se basant sur l'amélioration du poids à la naissance, le facteur majeur influençant la mortalité des agneaux.

2.4. Paramètres de production de la race Hamra au niveau de la ferme de démonstration de l'ITELV à Saida

L'étude des paramètres de production des ovins, comme le poids à la naissance, poids au sevrage et les gains moyens quotidiens, est une étape primordiale dans la caractérisation phénotypique d'une race surtout pour le volet économique (agneaux de boucherie et l'évolution pondérale ultérieure).

Ces paramètres de croissance sont influencés par un grand nombre de facteurs différents alors que la nutrition, BCS, la santé, l'état et le génotype font partie des plus importants, d'autres facteurs qui peuvent influencer à un degré plus ou moins élevé sont par exemple le sexe, la taille de la portée, le mois ou la saison de l'agnelage, l'âge et le poids de la mère et l'année de naissance de l'agneau.

Pour la race Hamra, il y a peu de travaux publiés sur certains traits de production [2], [9], [90], [99], [100], [105]. Mais aucune étude approfondie de l'effet de facteurs environnementaux sur la croissance des agneaux de la race Hamra au sevrage a été publiée.

Dans ce contexte que s'inscrit cette partie de notre travail qui analyse les données de la ferme étatique d'institut technique d'élevage (ITELV) d'Ain Hadjar de Saida en appliquant des méthodes d'estimation appropriées.

Les objectifs de cette partie sont ;

Estimation des paramètres de production de la race Hamra au niveau de la station de démonstration de Saida à savoir ; le poids des agneaux à différents âges et le gain moyen quotidien jusqu'au sevrage).

Etude de l'effet de quelques facteurs ; année et mois de naissance, âge et poids de la mère, mode, sexe des agneaux sur l'évolution pondérale et le gain moyen quotidien des agneaux au sevrage).

2.4.1. Matériels et Méthodes

Les données liées aux paramètres de production des agneaux la race Hamra ont été collectées au niveau de la station expérimentale d'Aïn El Hadjar de l'Institut Technique des Elevages (ITELV) de la wilaya de Saida d'Algérie durant sept campagnes de naissances allant de 2010 à 2016 sur plus de 1300 agneaux nouveau-nés enregistrés.

Le protocole de contrôle des performances de production appliqué par l'ITEIV consistait à peser les agneaux à la naissance et ensuite à intervalles réguliers d'environ 21 jours jusqu'au sevrage, tous les agneaux présents à chaque visite.

Les caractères de croissance étudiés sont le poids à la naissance, le poids à 30 jours (P30), le poids à 70 jours (P70) et le poids à 90 jours (P90) ce dernier est l'âge de sevrage pratiqué au niveau de la ferme.

Les poids aux âges types des agneaux sont calculés par interpolations et extrapolations linéaires entre les pesées successives. Les gains moyens quotidiens (GMQ 0-30, GMQ 30-70, GQM70-90 et GMQ 30-90) sont déduits à partir des poids déjà calculés.

Dans les différentes situations, le calcul a été effectué selon la formule générale [175]:

$$PAT_i = P_n + \left(\frac{P_{n+1} - P_n}{D_{n+1} - D_n} \right) * (ati - D_n)$$

Où PAT_i est le poids aux âges types (ati), soit 30, 70, 90 J,

D_n, D_{n+1} et ati sont les dates des contrôles cadrant l'âge type recherché ;

P_n et P_{n+1} sont les poids aux contrôles D_n et D_{n+1}.

Pour chaque paramètres de croissance étudiés, nous avons fait une analyse des variances univariée pour l'effet des différent facteurs comme l'année de la naissance (2010, 2011, 2012, 2013, 2014, 2015 et 2016), mois de naissance (Septembre et octobre), le poids de la mère (< 40 Kg, ≥ 40Kg et < 48 Kg et ≥ 48 kg) et l'âge de la mère (jeunes < 3 ans, adultes ≥3 et < 5 ans et âgées ≥ 5 ans), le

mode de naissance (double ou simple) et le mode de naissance (mâle ou femelle) sur les performances de croissance à âge type (PN, P30, P70 et P90) .

Pour les gains quotidiens moyens (GQM0-30, GQM30-70, GQM70-90 et GQM 0-90) nous avons ajouté l'effet de poids à la naissance (<3 kg, ≥ 3 et ≤ 4kg, >4kg).

Nous avons calculé les coefficients de corrélation des différents paramètres quantitatifs entre eux et leurs seuils de signification.

En fin les moyennes des paramètres (PN et le GMQ 0-90) ont fait l'objet d'une analyse de modélisation linéaire généralisée (GLM) à plusieurs facteurs pour le PN et pour le GMQ0-90 ; l'année de la naissance (de 2010 à 2016), mois de naissance (Septembre et octobre), le mode de naissance(simple et double), le sexe de naissance(mâle et femelle), le poids de la mère (< 40 Kg, ≥ 40Kg et < 48 Kg et ≥ 48 kg), l'âge de la mère (jeunes < 3 ans, adultes ≥3 et < 5 ans et âgées ≥ 5 ans et poids à la naissance (<3 kg, ≥ 3 et ≤ 4kg, >4kg).

2.4.2. Analyse statistique

Après le dépouillement et l'encodage des données saisies à partir de Microsoft Excel, une exclusion des données manquantes ou aberrantes a été faite et l'analyse finale par le logiciel R a été portée sur plus de 1000 agneaux nés entre 2010 et 2016.

Les paramètres étudiés (PN, P30, P70, P90, GMQ0-30, le GMQ30-70 et le GMQ70-90 et le GMQ0-90) ont fait l'objet d'une analyse statistique avec les tests statistiques appropriés selon le facteur influençant.

En effet nous avons utilisé ; le test de Pearson pour voir l'effet significatif des coefficients de corrélation entre les paramètres quantitatifs ; le test de Student pour comparer les moyennes liées aux facteurs à double entrée comme le mode de naissance, le mode de naissance et le sexe des agneaux et le test d'Anova suivi par le test de tuckey pour comparer les moyennes liées aux facteurs à trois entrées ou plus comme l'année de naissance, l'âge et le poids de la mère et le poids à la naissance.

Glm : la sélection des variables dans le model de la régression linière multiple, après l'étape des analyses univariés, a été réalisée en utilisant le critère d'Akaike (AIC), en utilisant la méthode de sélection pas à pas ascendant toute en commençant par un model vide ; la variable qui a la plus petite valeur d'AIC sera sélectionnée en premier lieu et ainsi de suite. Puis on possède à la vérification de model par le test de normalité par le plot de résidu et le l'égalité de variance par le qq plot et le test de Shapiro.

Tous les résultats sont exprimés en moyenne \pm écart-type avec un seuil de différence significative $p < 0,05$.

2.4.3. Résultats et Discussion

L'ensemble des paramètres de production étudié dans cette partie (poids et gain quotidien moyen à âge type) est calculé à partir des données d'enregistrement de la station (carnet d'agnelage et le suivi de pesée jusqu'au sevrage) où il est mentionné le poids à la naissance des agneaux, les pesées à intervalle régulier de 21 jours, année de naissance, âge et poids de la mère, mois de naissance, mode et sexe de naissance des agneaux.

Le nombre d'enregistrements, les moyennes arithmétiques et leurs écart-types pour tous les caractères étudiés sont indiquées dans le tableau 2.12 qui englobe l'effet des facteurs (année, âge et poids de la mère, mois de naissance, sexe et mode de naissance) sur l'évolution pondérale jusqu'au sevrage des agneaux de la race Hamra au niveau de la ferme étatique de Saida pour l'évolution pondérale jusqu'au sevrage (90j) des agneaux ; E le tableau 2.13 pour l'effet des facteurs (année, âge et poids de la mère, mois de naissance, sexe et mode et poids à la naissance) sur le gain quotidien moyen jusqu'au sevrage des agneaux de la race Hamra au niveau de la ferme étatique de Saida.

Tableau 2.12 : Effet des facteurs (année, âge et poids de la mère, mois de naissance, sexe et mode de naissance) sur l'évolution pondérale jusqu'au sevrage des agneaux de la race Hamra au niveau de la ferme étatique de Saida.

		Nombre	PN (kg)	P30 (kg)	P70 (kg)	P90 (kg)
Facteurs	Global	1001	3,45 ±0,60	7,75±1,95	13,14±3,62	15,86±4,36
Année	2010	83	3,09 ± 0,52	5,46 ±1,27	13,12±3,25	17,31±4,10
	2011	137	3,50±0,52	10,03±1,44	17,76±2,64	21,17±3,20
	2012	129	3,41±0,52	7,70±1,74	14,61±3,65	17,59±4,06
	2013	186	3,38±0,64	7,79±1,88	12,56±3,20	14,16 ±3,92
	2014	138	3,34±0,69	6,86±1,58	11,08±2,68	13,53±3,09
	2015	166	3,60±0,58	7,74±1,61	12,13±2,64	15,33±3,25
	2016	162	3,62± 0,52	7,74±1,44	11,51±2,64	13,72±3,32
Test statistique (effet année)			Significatif	Significatif	Significatif	Significatif
Mois de naissance	Septembre	602	3,47±0,56 _a	7,73 ±1,98 _a	13,32±3,70 _a	16,24±4,42 _a
	Octobre	399	3,41±0,65 _a	7,78±1,91 _a	12,87±3,50 _a	15,27±4,21 _b
Age de la mère	< 3 ans	245	3,30±0,52 _a	7,47±1,90 _a	12,94±3,50 _a	15,70 ± 4,15 _a
	≥3 et < 5 ans	469	3,51±0,63 _b	7,85±1,95 _b	13,37±3,54 _a	16,18±4,26 _a
	≥ 5 ans	287	3,46±0,59 _b	7,83±2,00 _{a-b}	12,93±3,84 _a	15,47±4,67 _a
Poids de la mère	< 40 Kg	173	3,21±0,57 _a	6,96±1,92 _a	12,45±3,53 _a	15,38±4,24 _a
	≥ 40Kg et < 48 Kg	673	3,44±0,58 _b	7,62±1,85 _b	12,82±3,44 _b	15,52±4,17 _b
	≥ 48 kg	155	3,59±0,60 _c	8,42±1,94 _c	14,10±3,81 _c	16,73±4,65 _c
Mode de naissance	Double	201	3,03±0,52 _a	5,99±1,32 _a	10,12±2,55 _a	12,16±3,29 _a
	Simple	800	3,55±0,57 _b	8,19±1,84 _b	13,90±3,46 _b	16,79±4,10 _b
Sexe de naissance	Femelle	507	3,36±0,57 _a	7,43±1,83 _a	12,46±3,26 _a	15,00± 3,86 _a
	Mâle	494	3,54±0,61 _b	8,08±2,02 _b	13,83±3,85 _b	16,73±4,67 _b

Les moyens ayant au moins une lettre en commun ne sont pas significativement différentes au seuil de 5% (P < 0,05)

Tableau 2.13: Effet des facteurs (année, âge et poids de la mère, mois de naissance, sexe et mode et poids à la naissance) sur le gain quotidien moyen jusqu'au sevrage des agneaux de la race Hamra au niveau de la ferme étatique de Saida.

Facteurs		N	GMQ 0-30(kg)	G M Q 30-70 (kg)	GMQ 70-90 (kg)	GMQ 0-90 (kg)
Année	2010	83	0,079 ±0,033	0,192±0,058	0,210±0,083	0,158±0,043
	2011	137	0,218±0,039	0,193±0,039	0,170±0,061	0,196±0,033
	2012	129	0,143±0,049	0,280±0,085	0,149±0,047	0,158±0,043
	2013	186	0,147±0,052	0,119±0,044	0,080±0,056	0,120±0,040
	2014	138	0,117±0,046	0,106±0,039	0,122±0,045	0,113±0,033
	2015	166	0,138±0,049	0,110±0,042	0,160±0,058	0,130±0,033
	2016	162	0,137±0,045	0,094±0,041	0,111±0,059	0,112±0,035
Test statistique (effet année)			Significatif	Significatif	Significatif	Significatif
Mois de naissance	Septembre	602	0,142±0,060 _a	0,149±0,072 _a	0,146±0,070 _a	0,142±0,048 _a
	Octobre	399	0,146±0,053 _a	0,148±0,090 _a	0,120±0,064 _b	0,132±0,044 _b
Age de la mère	< 3 ans	245	0,139±0,059 _a	0,139±0,059 _a	0,138±0,064 _a	0,138±0,045 _a
	≥ 3 et < 5 ans	469	0,144±0,055 _a	0,156±0,088 _b	0,140±0,069 _{a-b}	0,141±0,045 _a
	≥ 5 ans	287	0,146±0,060 _a	0,146±0,080 _{a-b}	0,127±0,073 _{a-b}	0,133±0,050 _a
Poids de la mère	< 40 Kg	173	0,125±0,057 _a	0,143±0,068 _a	0,146±0,07 _{a-b}	0,135±0,045 _{a-b}
	≥ 40 et < 48kg	530	0,139±0,055 _b	0,143±0,078 _{a-b}	0,135±0,065 _a	0,134±0,044 _a
	≥ 48 kg	298	0,161±0,057 _c	0,160±0,086 _b	0,131±0,007 _{a-b}	0,146±0,049 _{a-b}
Mode de naissance	Double	201	0,099±0,041 _a	0,120±0,070 _a	0,102±0,066 _a	0,102±0,036 _a
	Simple	800	0,155±0,056 _b	0,156±0,080 _b	0,145±0,067 _b	0,147±0,045 _b
Sexe de naissance	Femelle	507	0,136±0,054 _a	0,141±0,076 _a	0,127±0,059 _a	0,129±0,041 _a
	Mâle	494	0,151±0,060 _b	0,157±0,083 _b	0,145±0,077 _b	0,147±0,050 _b
P.N(kg)	<3 kg	137	0,116±0,051 _a	0,138±0,075 _a	0,124±0,073 _a	0,120±0,043 _a
	≥ 3 et < 4kg	557	0,144±0,058 _b	0,150±0,080 _a	0,134±0,069 _c	0,138±0,047 _c
	≤ 4kg	306	0,155±0,054 _c	0,149±0,080 _b	0,144±0,065 _b	0,145±0,045 _b

Les moyens ayant au moins une lettre en commun ne sont pas significativement différentes au seuil de 5% (P<0,05).

2.4.3.1. Aptitude de croissance moyenne des agneaux de la race Hamra

Les poids moyens et leurs écarts-types des 1001 agneaux de la race Hamra à la naissance, à 30 jours, à 70 jours et à 90 jours ont été respectivement de $3,45 \pm 0,60$ Kg, $7,75 \pm 1,95$ Kg, $13,14 \pm 3,62$ Kg et $15,86 \pm 4,36$ Kg (figure 2.10). On remarque bien que les agneaux ont multiplié leurs poids par 4,5 fois seulement en 3 mois.

Leurs vitesses de croissance entre la naissance et 30 jours, entre 30 et 70 jours, entre 70 et 90 jours et entre 0 et 90 jours ont été respectivement $143 \pm 5,7$ g, $148 \pm 7,9$ g, $135 \pm 6,8$ g et $137 \pm 4,6$ g (figure 2.11).

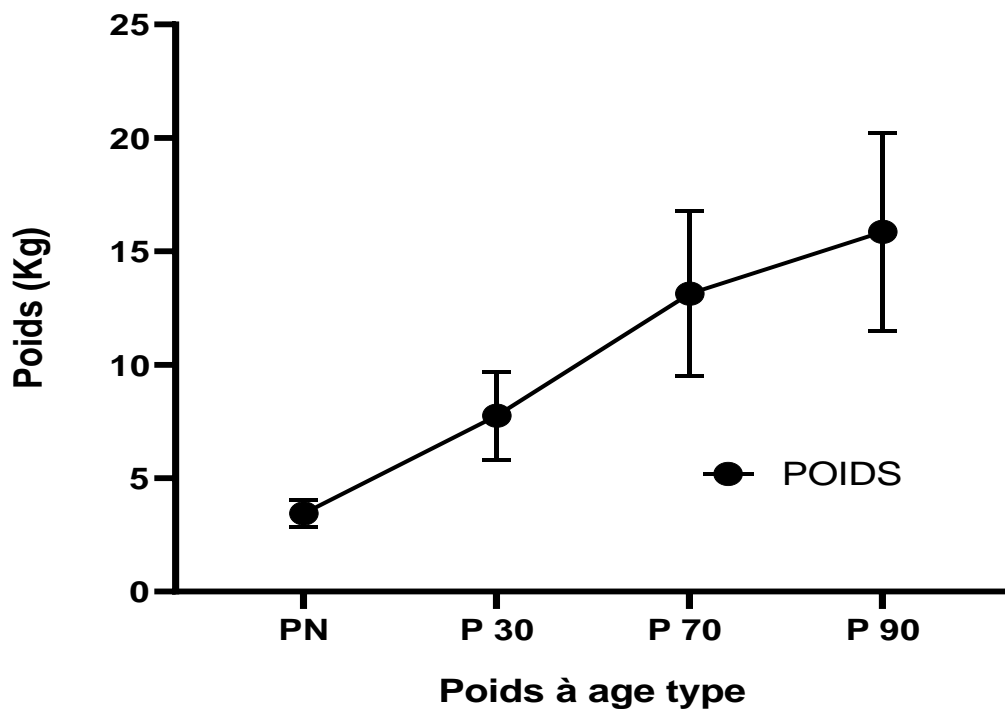


Figure 2.10 : Evolution pondérale moyenne des agneaux de la race Hamra

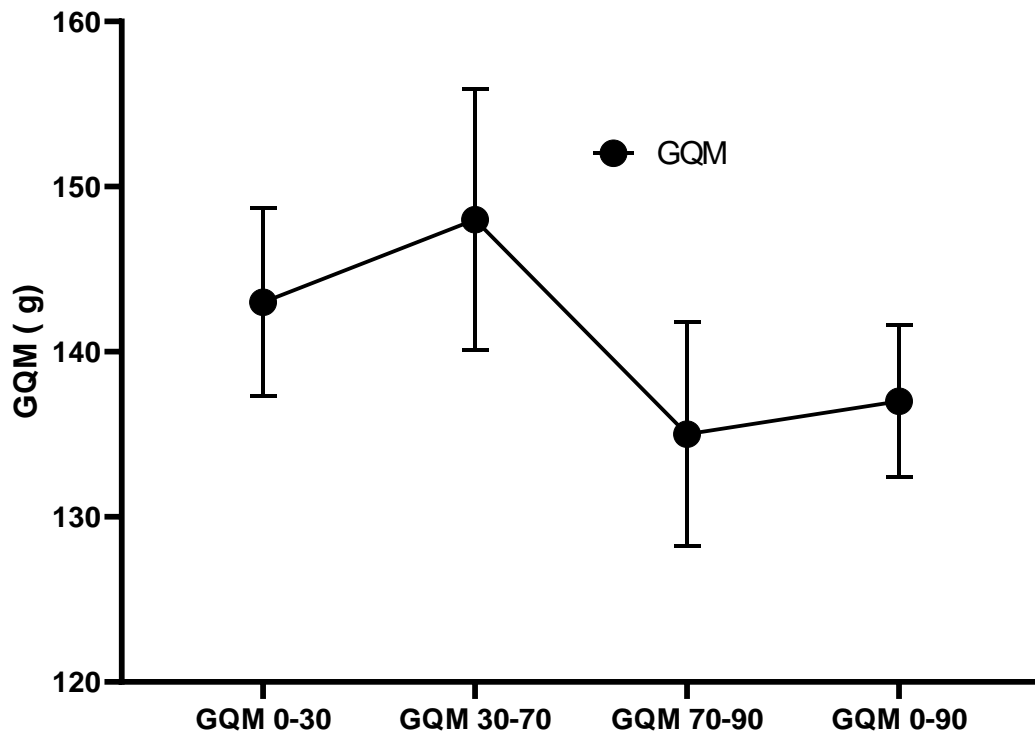


Figure 2.11 : Gain Moyen Quotidien moyen des agneaux de la race Hamra

Nous résultats sont proche à ceux rapporter par [99] pour les performances de croissance de la même race Hamra en Algérie dans une autre fermes étatique de Bougtab avec 3,46, 6,72, 11,56 kg et 105,2 g pour le PN, P30, p75 et GMQ au sevrage (103j) et à ceux de la race Béni Guil au Maroc dans une ferme étatique à Oujda publier par [154] qu'ils ont noté $3,13 \pm 0,06$, $8,15 \pm 0,13$, $15,3 \pm 0,29$, 167 ± 3 et 119 ± 4 pour le PN, P30, P90, GMQ 0-30 et GMQ 30-90 respectivement. De même pour [111] a enregistré une moyenne pour les agneaux de 3,32 Kg et 16,1 Kg et le agnelles de 3,14 Kg et 14,8 Kg pour le poids à la naissance et poids à 90 jour respectivement.

Les paramètres observés dans la présente étude sont supérieurs pour le poids à la naissance de la même race de 2,5 Kg mentionné dans le livre [2] pour les agneaux de la race Hamra élevées dans la steppe. De même pour le standard de la race Hamra établie par [9] qui rapportent un poids des agneaux nés simple de 3,10 Kg, par contre nos résultats sont inférieure pour l'ensemble des performances rapportées dans ce standard de la race 10,3 Kg, 18,6 Kg et GMQ de 235 g, 140 g

et 170 g pour poids à la naissance, P 30, P 90, GMQ 0-30, GMG 30-90 et GMQ 0-90 respectivement.

Pareil, pour la race Ouled Djellal; le standard de la race établie par [119], au niveau de de la station ITELV de Ain M'lila et des élevages ayant réalisés le contrôle de ces performances, ont rapporté un PN, P30, P120, GMQ 0-30 et GMQ 0-120 de 3,5 Kg, 12 KG, 29 Kg, 280 g et 200g respectivement pour les agneaux et 3,4Kg, 11 kg, 26Kg, 250 g et 166g pour les agnelles, nés simple en Automne.

Alors que nos résultats sont nettement inférieurs à ceux de la race Rembi ; le standard de la race adopté par [122] montre une moyenne de 4 Kg, 9,82 Kg, 15,44 Kg, 22,06 Kg, 194g, 188g et 220 g des agneaux et 3,88 Kg,10,82 Kg,16,73 Kg,21,64 Kg,230g, 197g et 164g des agnelles pour le PN, P30, P60, P90, GMQ 0-30, GMQ 0-60 et GMQ 0-90 respectivement.

Notre étude révèle l'existence de larges variabilités interindividuelles (écart-type important) des paramètres étudiés favorable à la mise en place d'un programme de sélection en vue d'améliorer la production de ce mouton.

Le changement observé dans les performances de croissance des agneaux de la race Hamra peut s'expliquer par l'amélioration de la gestion et des conditions nutritionnelles par rapport à la steppe en effet l'alimentation des brebis et des agneaux a un effet favorable sur la production laitière des mères et sur la vigueur des agneaux [176].

La différence avec les deux autres ovines principale en Algérie peut être expliquée par l'effet génétique entre les races sur les paramètres de croissance des agneaux [153], [177].

Le gain moyen quotidien dans notre étude était de 137 g au sevrage avec une certaine différence entre les tranches d'âge des agneaux. En effet, le GMQ 0-30 était 143g , cette période est étroitement liée au potentiel d'allaitement de la mère, appelé valeur laitière par [178] Car il y a une forte dépendance des agneaux au lait des mères durant premier mois de l'allaitement [179]. En effet, Il existe une corrélation étroite entre la production laitière estimée en période d'allaitement et le gain de poids pendant cette période : elle est maximale au cours des 3 ou 4 premières

semaines avec un indice de consommation pour la race Hamra de 6,5 [105] ; donc l'établissement d'une équation de régression de la production laitière des mères au cours du premier mois de lactation sur la croissance des agneaux allaités est très souhaitable, d'une part pour l'utilisation du GMQ 0-30 dans la sélection indirecte des bonnes laitières, et d'autre part pour faire un bon rationnement des brebis en lactation [180].

le GMQ30/70 reflète davantage le potentiel de croissance précoce de l'agneau [175], dans notre étude le GMQ 30-70 était légèrement supérieure au GMQ 0-30 avec une moyenne de 148 g ce qui suggère que l'adaptation des agneaux de la race Hamra à l'alimentation solide, dès le jeune âge [179].

A la fin de contrôle, le GMQ 70-90 diminue 135 g, cette tendance à la baisse avec l'avancement de l'âge des agneaux peut être attribuée à une diminution de l'effet maternel, y compris l'allaitement et les soins infirmiers des agneaux par leur mère [177].

2.4.3.2. Corrélations entre les paramètres de croissance étudiés

Les corrélations phénotypiques des performances de croissance des agneaux de la race Hamra dans notre étude (tableau 2.14), sont toutes significatives, positives et varient de 0,114 à 0,957, la corrélation entre P70 et P90 est la plus élevée (0,957) et celle entre le poids à la naissance et GMQ 30-70 est la plus faible (0,18). Elles sont élevées entre les poids adjacents et entre les poids et les GMQ correspondants.

Une corrélation positive indique que la sélection sur un caractère s'accompagnera nécessairement d'une amélioration des autres [181].

Sur la base de l'ensemble des corrélations, il apparaît que le poids à la naissance peut être utilisé comme critère précoce de sélection car il reflète la croissance de prénatale. De même, le P70 peut servir comme critère de sélection car il est plus corrélé aux autres caractères de croissance surtout pour le P90 (0,957) et le GMQ globale GMQ 0-90 (0,943) et il possède un écart-type élevé ($\pm 3,62$ kg).

2.4.3.3. Analyse univarié

2.4.3.3.1. Effet de l'année

L'analyse de la variance a mis en évidence l'existence d'un effet significatif de l'année de naissance des agneaux de la race Hamra sur les poids à âge type et les GMQs jusqu'au sevrage (figure 2.12 et figure 2.13), et cela au niveau de la station de Saida des agneaux de race Hamra. En effet, les moyennes ajustées connaissent des fluctuations interannuelles importantes. Globalement, l'année 2014 a été caractérisée par les performances les plus faibles (probablement due à la crise économique qui a touché le pays à cette période et sa reflète sur la ferme par une restriction budgétaire avec diminution de l'alimentation qui se traduit généralement par une baisse de performances), tandis que l'année 2011 a connu les performances les plus élevées

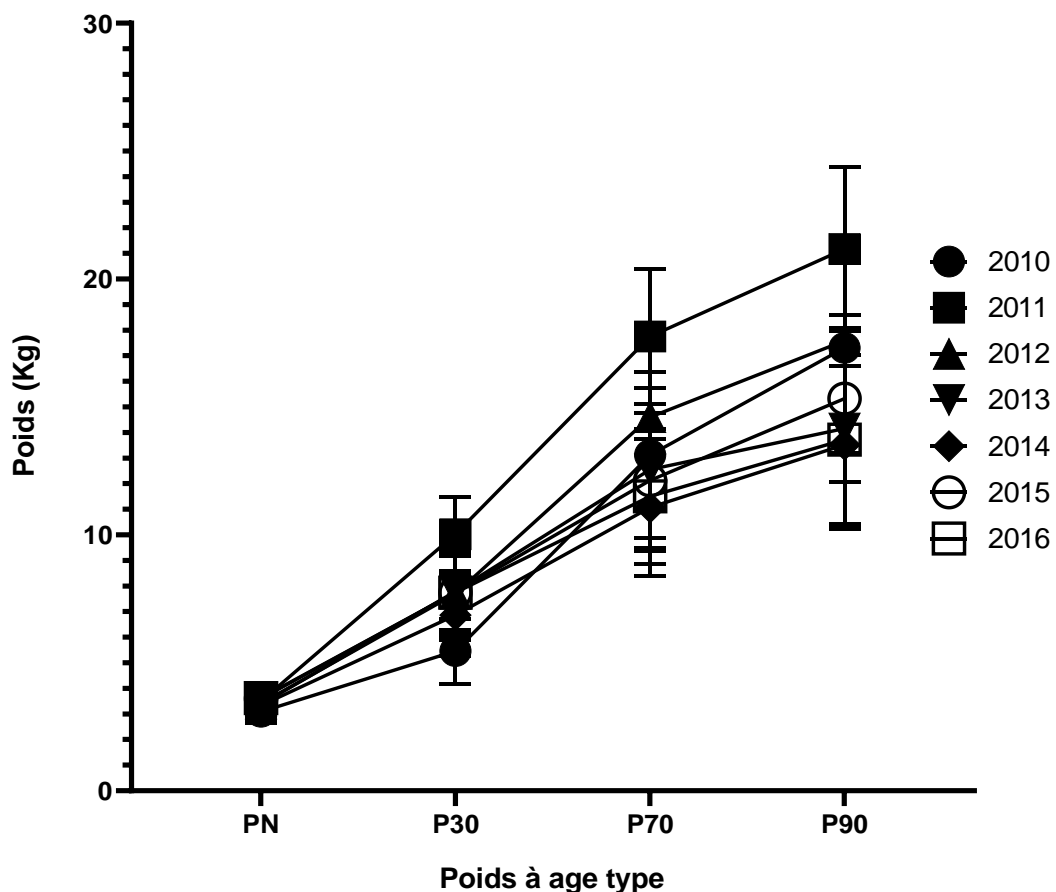


Figure 2.12 : Effet de l'année sur l'évolution pondérale des agneaux de la race Hamra

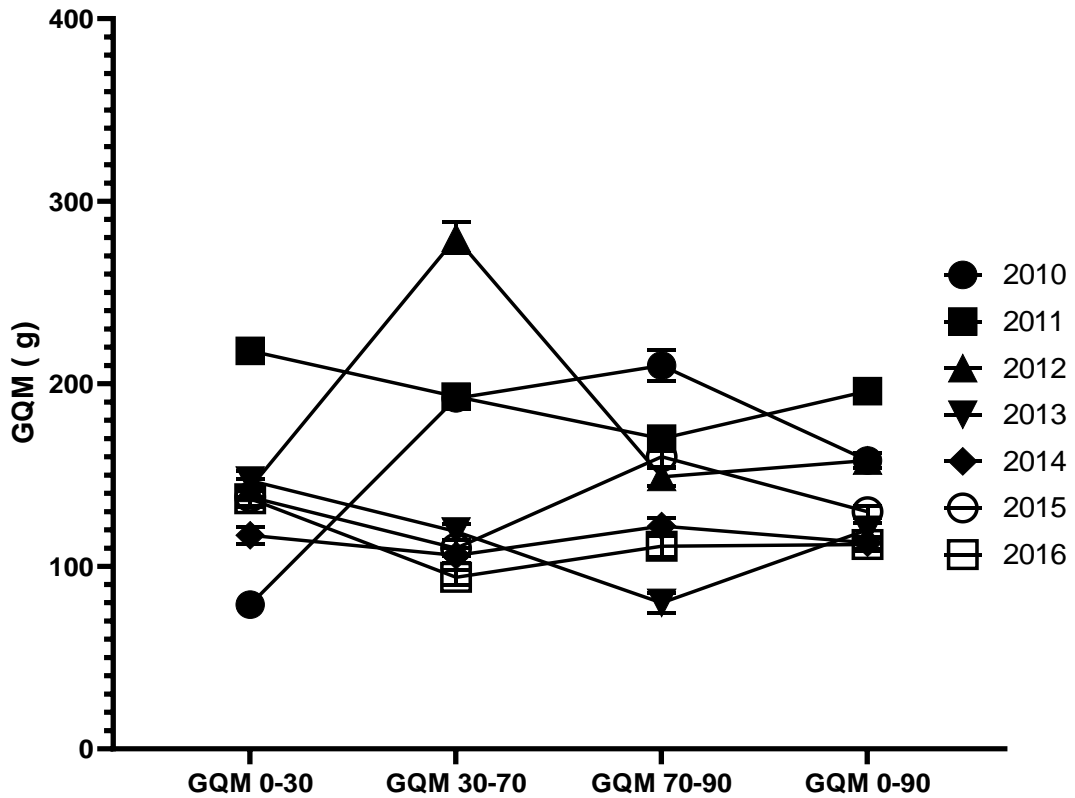


Figure 2.13 : Effet de l'année sur le gain quotidien moyen des anneaux de la race Hamra

L'effet de l'année de naissance sur les performances de croissance est similaire aux résultats rapportés par plusieurs auteurs à travers le monde et cela pour différentes races ovines [99], [154], [177], [181]–[186] qui relient cet effet aux variations habituelles du climat, du mode de conduite, des conditions d'hygiène et d'alimentation qui vont influencer en grande partie sur la production laitière des brebis et la courbe de croissance des agneaux [181].

De même en région semiarides, les variations climatiques inter et intra années sont très prononcées et les mauvaises années se répercutent sur la croissance des agneaux qui a, le plus souvent, tendance à ralentir [175].

2.4.3.3.2. Effet de l'âge de la mère

Dans notre étude l'âge de la mère a été déduit par la différence entre son année de naissance et l'année de naissance de son produit. Nous avons classé les mères en trois catégories ; le jeunes moins de 3 ans ; les adultes entre 3 ans et 5ans et les plus âgées pour les plus de 5 ans. Les moyens et les écarts-types des poids à âge types (figure 2.14) et les GMQs (figure 2.15) sont représentés selon les trois tranches d'âge de la mère.

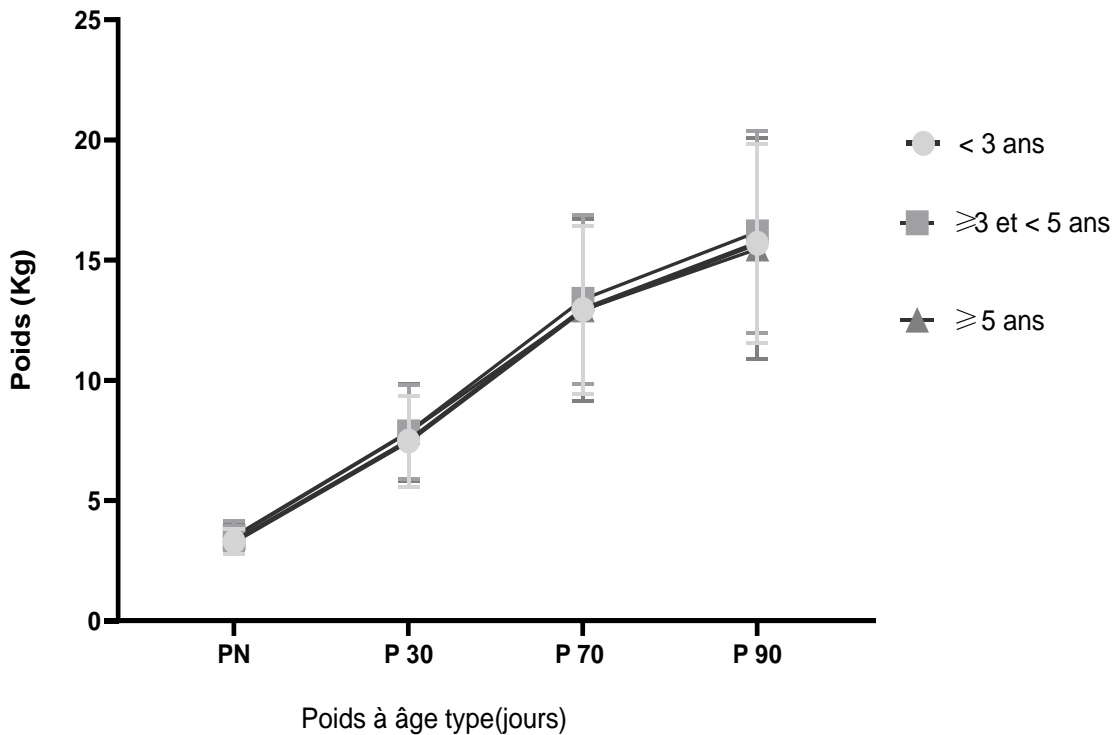


Figure 2.14 : Effet de l'âge de la mère sur l'évolution pondérale des agneaux de la race Hamra

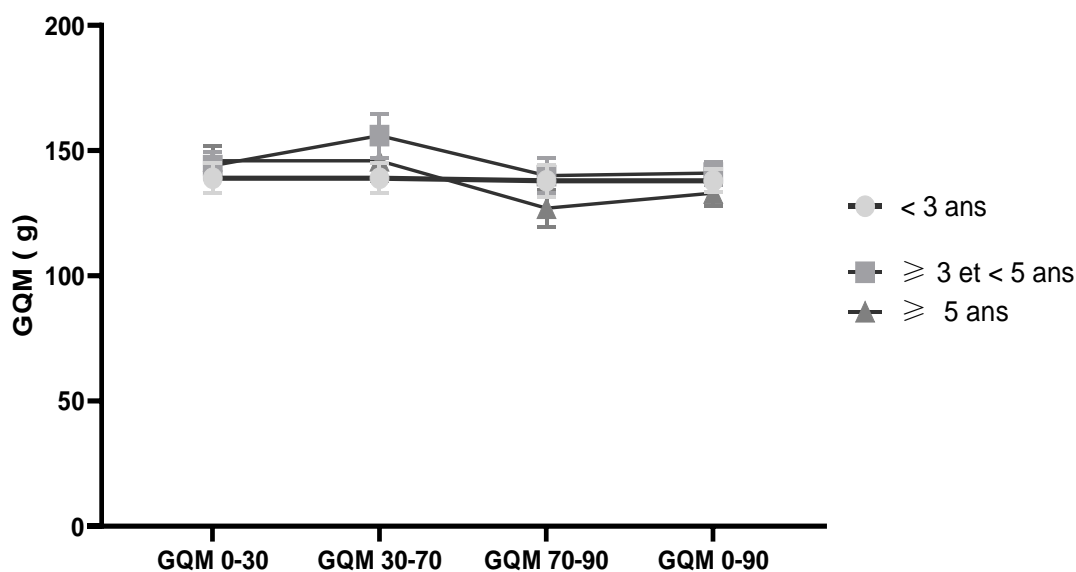


Figure 2.15 : Effet de l'âge de la mère sur le GMQ des agneaux de la race Hamra.

L'analyse de la variance a montré que l'âge de la mère a un effet significatif sur le poids à la naissance, P30j, GMQ 30-70 et GMQ 70-90, mais pas sur le P 70, P90, GMG 0-30 et GMQ 0-90 ($P > 0,05$). Les performances les plus faibles ont été réalisées par les agneaux issus des brebis âgées de moins de 3 ans. Les poids enregistrés sont de 3,30 Kg à la naissance, 7,47 kg à 30 jours, 12,94 à 70 jours et 15,70 kg à 90 jours. Les GMQ correspondus sont 139g à GMQ 0-30, 139 g à GMQ30-70, 138g à GMQ 70-90 et 138g à GMQ 0-90. Alors que les meilleures performances de croissance sont observées chez les agneaux dont les mères sont âgées de 3 à 5 ans avec 3,51 Kg, 7,85 Kg, 13,37 Kg, 16,18 Kg, 144 g, 156 g, 140g et 141g pour les PN, P30, P70, P90, GMQ 0-30, G M Q30-70, GMQ 70-90 et GMQ 0-90 respectivement.

Ces résultats mettent en évidence l'existence d'un effet maternel sur les performances de croissance et montrent que cet effet s'atténue au fur et à mesure que l'agneau devient âgé. Et cela correspond aux résultats d'études antérieures [154], [177], [181], [182], [184], [187], [188]

En effet, les jeunes brebis ont tendance à produire des agneaux plus légers que les mères plus âgées et matures, ce qui peut être attribué à la plus grande taille de l'utérus à mesure que les brebis grandissent. Les brebis mûres gestantes après avoir atteint leur pleine développement pourraient allouer plus de nutriments à

l'alimentation des agneaux dans l'utérus que les brebis immatures et les brebis plus jeunes utilisaient probablement une grande partie des nutriments ingérés pour leur propre croissance et développement et produisaient par conséquent des agneaux de poids inférieur à celui des brebis plus âgées [185] ; pour les autres paramètres de croissance, la supériorité des poids des agneaux issus de brebis adultes par rapport à ceux des agneaux nés des jeunes mères peut être expliquée par la production laitière et le comportement maternel plus importante chez les mères adultes comparativement aux jeunes mères [181], [183].

2.4.3.3.3. Effet de mode de naissance des agneaux

Le mode de naissance s'est révélé significatif sur toutes les performances de croissance étudiées. Les agneaux nés simples sont plus lourds et croissent plus rapidement que les agneaux nés doubles. Les différences de poids sont 0,52 Kg, 2,2 Kg, 3,78 Kg et 4,63 Kg pour le PN, P30, P70 et P90 (figure 2.16) et les vitesses de croissance sont 56g, 36g, 43 g et 45 g pour le GMQ 0-30, GMQ30-70, GMQ 70-90 et GMQ 0-90 respectivement (figure 2.17).

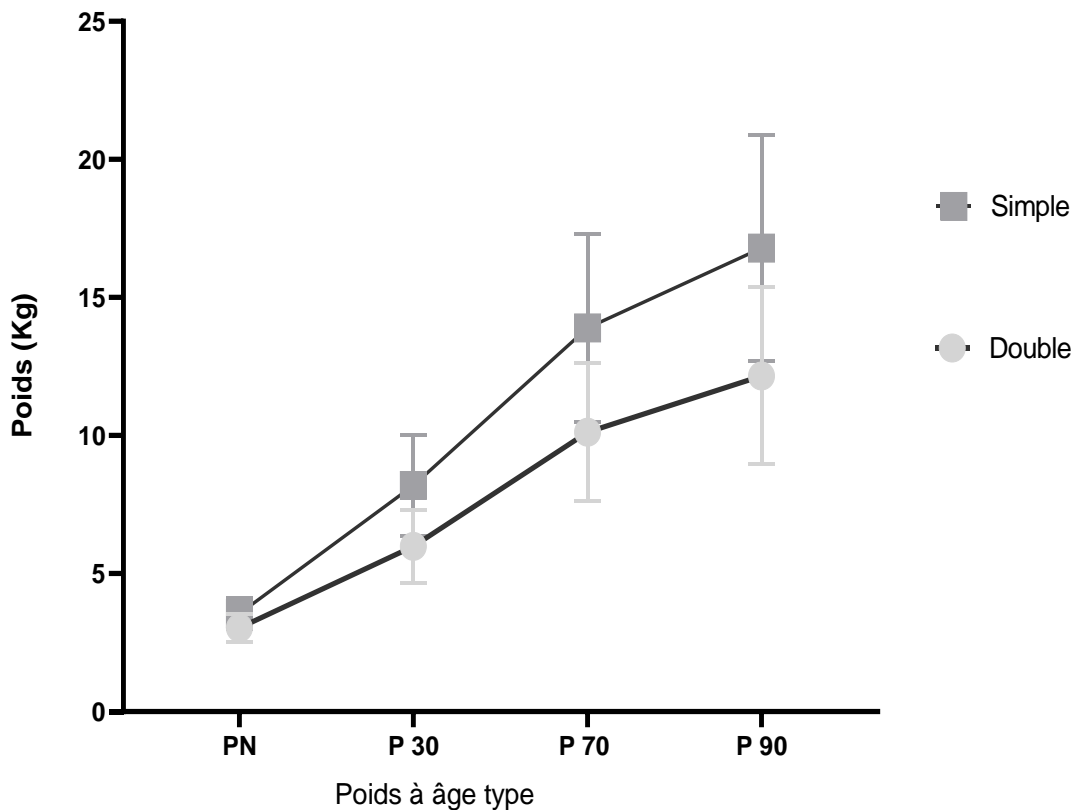


Figure 2.16 : Effet de mode de naissance sur l'évolution pondérale des agneaux de la race Hamra.

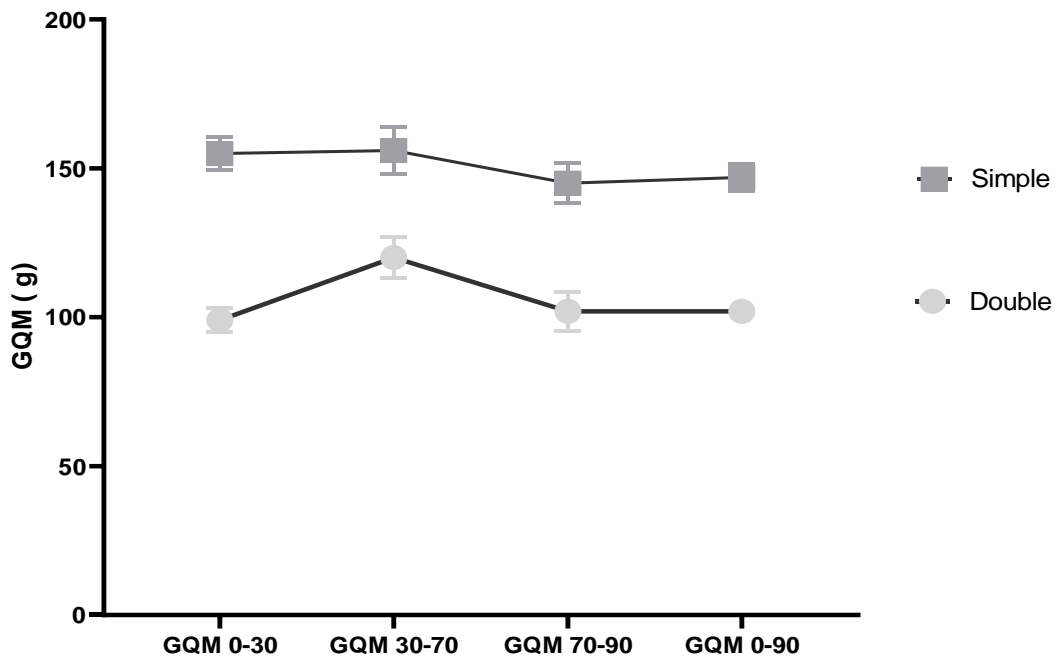


Figure 2.17 : effet de mode de naissance sur le GMQ des agneaux de la race Hamra.

L'effet significatif de mode de la naissance des agneaux simple ou double est constaté dans plusieurs études [99], [154], [190], [177], [181]–[186], [189].

Cela peut être expliqué pour le poids à la naissance par ; la capacité physiologique de la mère à fournir adéquatement les produits de la conception avec un substrat métabolique ; la capacité physique de la mère à porter plusieurs portées car l'espace utérin maternel a une capacité finie de gestation et les effets génétiques fœtaux [185], [186]. Pour les performances de croissance ultérieures, cette supériorité peut être expliquée par l'aptitude de l'agneau né simple à mieux utiliser le lait maternel et avoir un bon indice de consommation [105], et l'absence de compétition pour la tétée avec d'autres agneaux de la naissance au sevrage ce qui favorise sa croissance ultérieure [181], [183], en plus, la production laitière des brebis insuffisante surtout les jeunes qui ne permet pas généralement de satisfaire les besoins des agneaux nés doubles [154].

2.4.3.3.4. Effet de sexe des agneaux

Le sexe a un effet très hautement significatif sur tous les caractères de croissance étudiés. En effet, les mâles sont, à tous les âges, plus lourds que les femelles et réalisent les croissances les plus rapides avec un écart en faveur des mâles de 0,18 Kg, 0,65 Kg, 1,37 Kg et 1,73 Kg pour le poids à la naissance, P30, P70 et P90 (figure 2.18) et de 15g, 16 g,18 g et 18 g pour GMQ 0-30, GMQ 30-70, GMQ 70-90 et GMQ 0-90 (figure 2.19) respectivement.

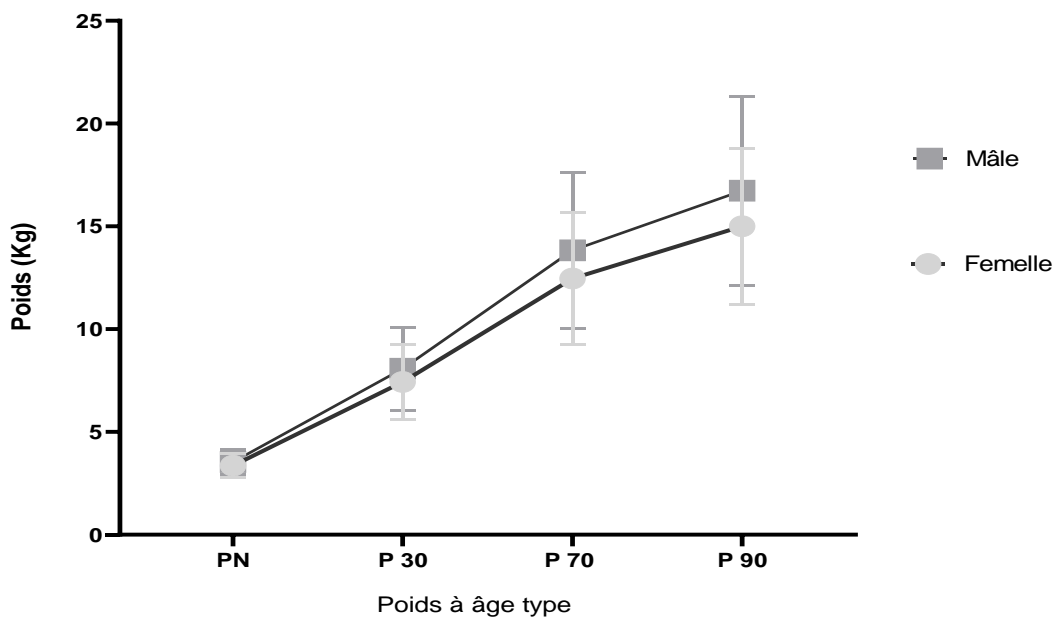


Figure 2.18 : Effet de sexe sur l'évolution pondéral des agneaux de la race Hamra.

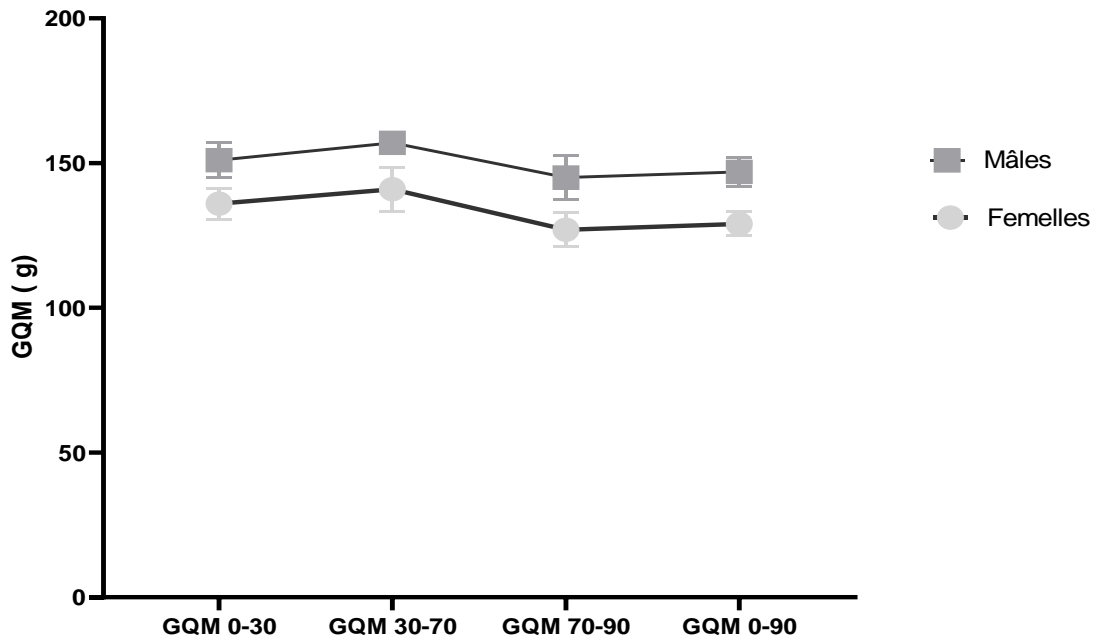


Figure 9: Effet de sexe sur le GMQ des agneaux de la race Hamra

L'effet significatif de sexe sur performances de croissance des agneaux a été confirmé par plusieurs études dans différents pays au monde et chez toutes les races ovines [99], [154], [189], [191], [177], [181]–[186], [188].

De toute évidence, la présence d'un chromosome Y et les produits de l'activation du gène SRY, par exemple les androgènes et la substance müllérienne inhibitrice, ont des effets sexospécifiques sur la croissance fœtale. En effet, Les mâles semblent croître plus rapidement que les femelles respectives in utero [186] et pour les poids ultérieurs, la différence dans le système hormonal des agneaux mâles et femelles joue un rôle important en faveur des mâles [183].

2.4.3.4. Analyse multivariée

2.4.3.4.1. Modélisation linéaire généralisé (GLM) de poids à la naissance

La connaissance des facteurs qui influent sur la variation du poids à la naissance est particulièrement importante étant donné la relation entre le poids à la naissance et l'évolution pondérale, la santé néonatale et celle des adultes.

La présente étude effectue une analyse statistique des facteurs influençant le poids à la naissance des agneaux à l'aide d'une modélisation linéaire généralisée (GLM) pour représenter la structure d'erreur hiérarchique implicite en ce qui concerne les agneaux nés d'une population de brebis. Les facteurs explicatifs testés dans l'analyse sont les suivants ; l'année de la naissance (de 2010 à 2016), mois de naissance (Septembre et octobre), le mode de naissance (simple et double), le sexe de naissance (mâle et femelle), le poids de la mère (< 40 Kg, ≥ 40Kg et < 48 Kg et ≥ 48 kg) et l'âge de la mère (jeunes < 3 ans, adultes ≥3 et < 5 ans et âgées ≥ 5 ans.

La sélection des variables dans le model de la régression linéaire multiple, après l'étape des analyses univariés, a été réalisée en utilisant le critère d'Akaike (AIC), en utilisant la méthode de sélection pas à pas ascendant toute en commençant par un model vide ; la variable qui a la plus petite valeur d'AIC sera sélectionnée en premier lieu et ainsi de suite. Le résultat de model final était ;

pn ~ mn + pmc + years + sexe + mac + m (voir tableau 2.15)

La vérification de model par le test de normalité par le plot de résidu (figure 2.20) et le l'égalité de variance par le qq plot et le test de Shapiro (figure 2.21) montre bien la force et la stabilité du model.

Le model finale illustre clairement les facteurs ayant un effet significatif sur le poids à la naissance de l'agneau et présentés par ordre d'importance de l'effet (mode de naissance, poids de la mère à la lutte, l'année de naissance, sexe de naissance, l'âge de la mère puis le mois de naissance).

En effet, le mode de la naissance des agneaux est le facteur le plus influant sur le poids à la naissance des agneaux suivi par le poids de la mère à la lutte, l'année, le sexe de l'agneau, l'âge de la mère et se situé en dernier lieu le mois de naissance.

Dans notre étude, le mode de la naissance a amélioré le poids des agneaux à la naissance par 0,591 en faveur des agneaux nés simple, puis suivi par le poids de la mère à la lutte nous avons constaté une augmentation de poids à la naissance avec l'augmentation du poids de la mère avec 0,232 et 0,380 pour les mères ayant un poids de $\geq 40\text{Kg}$ et $< 48\text{ Kg}$ et $\geq 48\text{ kg}$ à la lutte respectivement.

L'année est trouvée en troisième lieu avec des fluctuations interannuelles ou l'année 2014 a enregistré l'effet le plus faible avec 0,200 alors que l'année 2015 était la plus performante avec 0,436. Suivi par le sexe d'agneaux avec une amélioration de 0,164 pour les agneaux par rapport aux agnelles.

Pour l'âge des mères ; les mères adultes ≥ 3 et < 5 ans ont enregistré la meilleure performance avec 0,154 suivi par les mères âgées ≥ 5 ans avec 0,125, et en dernier lieu se trouve le mois de septembre avec une baisse de 0,084.

Tableau 2.15 : GLM de poids des agneaux de la race Hamra à la naissance

	Estimate	Std. Error	Test statistique
(Intercept)	2.306	0.078	S
mnS	0.591	0.042	S
pmcB	0.232	0.050	S
pmcC	0.380	0.057	S
yearsB	0.266	0.074	S
yearsC	0.290	0.077	S
yearsD	0.246	0.073	S
yearsE	0.200	0.073	S
yearsF	0.436	0.071	S
yearsG	0.364	0.073	S
sexeM	0.164	0.033	S
macB	0.154	0.045	S
macC	0.125	0.051	S
msept	-0.084	0.036	S

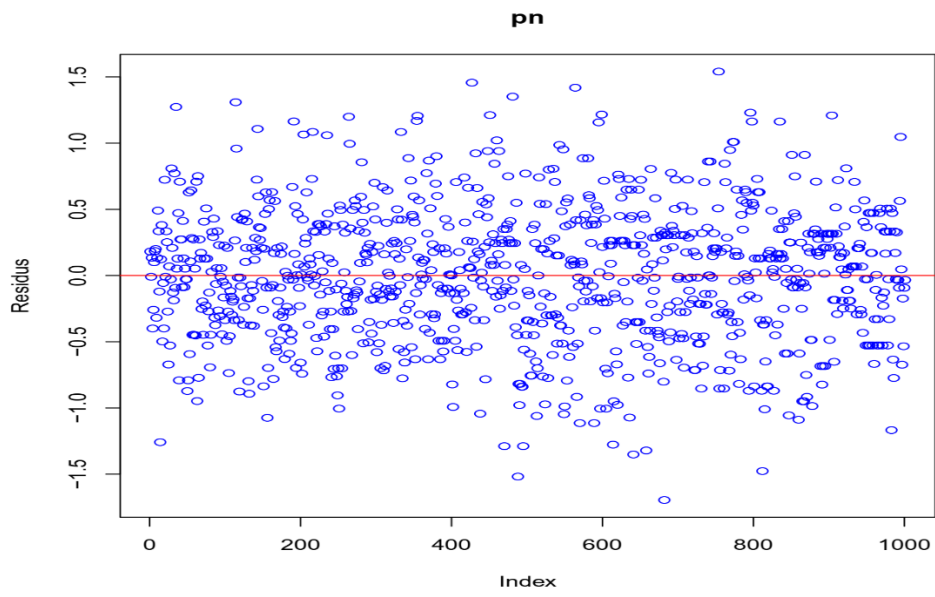


Figure 2.20 : test d'égalité des variances pour le poids à la naissance.

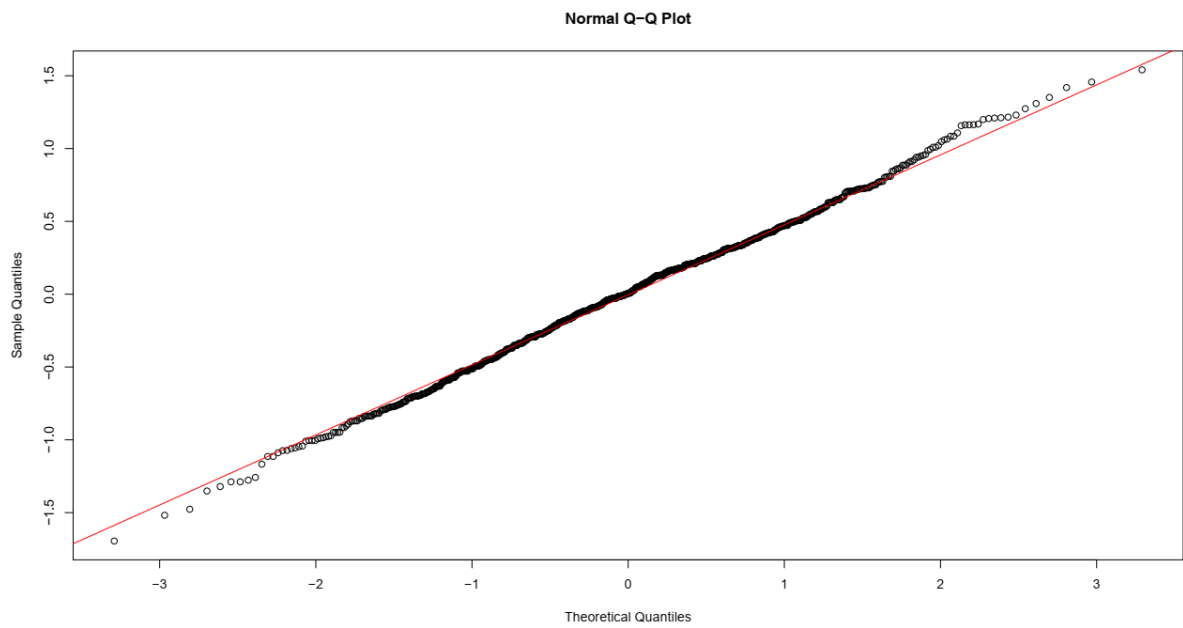


Figure 2.21 : vérification de la normalité du test pour le poids à la naissance.

2.4.3.4.2. Modélisation linéaire généralisé (GLM) du gain moyen quotidien au sevrage

La compréhension de fonctionnement de l'effet des facteurs qui influent sur le gain moyen quotidien entre la naissance et le sevrage est notamment importante étant donné la forte corrélation entre GMQ 0-90 et les différentes performances de croissance des agneaux de la race Hamra constaté dans cette étude voir tableau 2.14 de la corrélation.

Pour cela une modélisation linéaire généralisé a été effectuée pour les facteurs influant sur le GMQ 0-90. Les facteurs explicatifs significat testés dans l'analyse sont les suivants ; l'année de la naissance (de 2010 à 2016), le mode de naissance (simple et double), le sexe de naissance (mâle et femelle), le poids de la mère (< 40 Kg, ≥ 40Kg et < 48 Kg et ≥ 48 kg) et l'âge de la mère (jeunes < 3 ans, adultes ≥3 et < 5 ans et âgées ≥ 5 ans et le poids à la naissance (<3 kg, ≥ 3 et ≤ 4kg,>4kg).

La sélection des variables dans le model de la régression linéaire multiple, après l'étape des analyses univariés, a été réalisée en utilisant le critère d'Akaiké (AIC), en utilisant la méthode de sélection pas à pas ascendant toute en commençant par un model vide ; la variable qui a la plus petite valeur d'AIC sera sélectionnée en premier lieu et ainsi de suite. Le résultat de model final était ;

GMQ 0-90 ~ years + mn + pmc + sexe + mac + pnc (voir tableau 2.16)

La vérification de model par le test de normalité par le plot de résidu (figure 2.22) et le l'égalité de variance par le qq plot et le test de Shapiro (figure 2.23) montre bien la puissance et la stabilité du model.

Le model finale illustre clairement les facteurs ayant un effet significatif sur le poids à la naissance de l'agneau et présentés par ordre d'importance de l'effet (l'année de naissance, mode de naissance, poids de la mère à la lutte, sexe de naissance, l'âge de la mère puis le poids de l'agneau à la naissance).

En effet, l'année de naissance des agneaux était le facteur le plus influant sur le gain moyen quotidien entre la naissance et le sevrage, cet effet était significatif pour toutes les années sauf pour l'année 2012 avec une baisse de performance de

0,002, pour le reste des années nous avons constaté une fluctuation interannuelle allant de -0,058 pour l'année 2016 jusqu'au 0.029 pour l'année 2011.

Dans notre étude les agneaux nés simple, les mères ayant un poids de $\geq 40\text{Kg}$ et $< 48\text{ Kg}$ et $\geq 48\text{ kg}$ à la lutte et les agneaux mâles ont amélioré significativement le GMQ 0-90 de 0,042, 0,014, 0,023 et 0.013 respectivement.

Pour l'âge de la mère ; le GMQ 0-90 n'a été influencé significativement que pour les mères adultes ayant un âge entre 3 et < 5 ans avec une amélioration de 0,010.

En fin, le poids à la naissance a enregistré un effet significatif sur le GMQ 0-90 avec 0,006 et 0,011 pour les agneaux ayant un poids entre 3 et 4kg et ceux de plus 4kg respectivement.

Tableau 2.16 : Résultat de GLM de gain moyen quotidien entre la naissance et le sevrage des agneaux de la race Hamra.

	Estimate	Std. Error	Test statistique
(Intercept)	0.095	0.0048	S
yearsB	0.029	0.0043	S
yearsC	-0.002	0.0045	NS
yearsD	-0.042	0.0042	S
yearsE	-0.048	0.0043	S
yearsF	-0.035	0.0043	S
yearsG	-0.058	0.0044	S
mnS	0.042	0.0027	S
pmcB	0.014	0.0029	S
pmcC	0.023	0.0034	S
sexeM	0.013	0.0019	S
macB	0.010	0.0027	S
macC	0.004	0.0030	NS
pncB	0.006	0.0030	S
pncC	0.011	0.0036	S

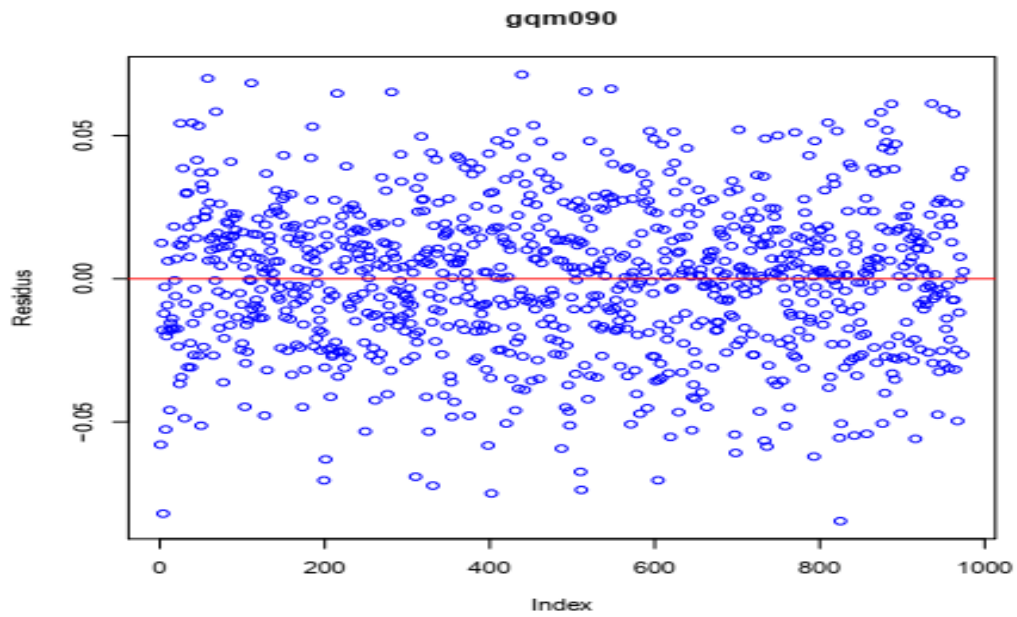


Figure 2.22: test d'égalité des variances pour le GMQ 0-90.

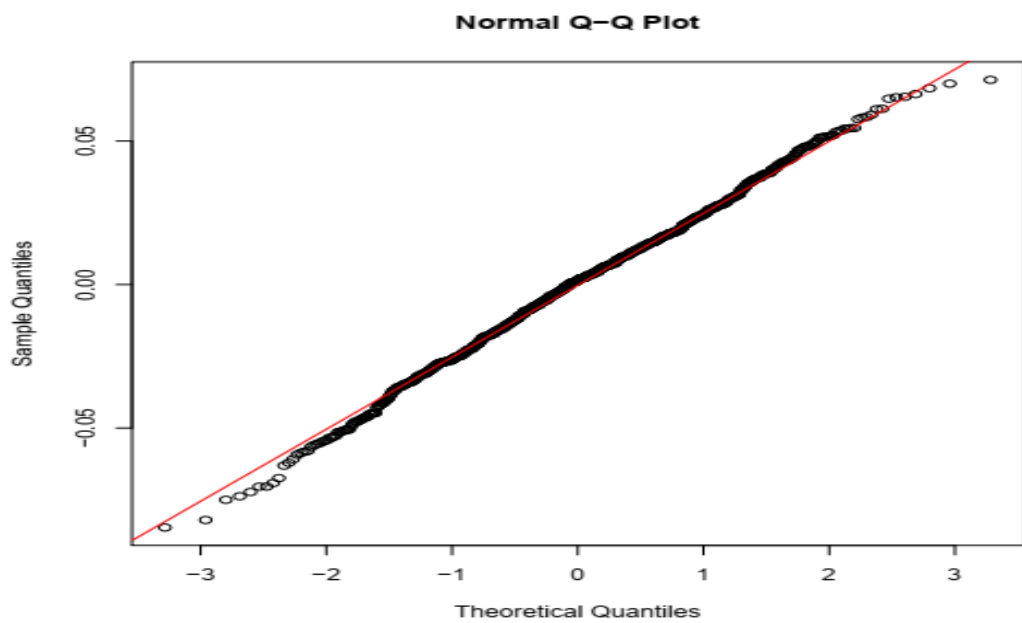


Figure 2.2310: vérification de la normalité du test pour le GMQ 0-90.

CONCLUSION

Les résultats de cette étude ont permis d'apporter des informations importantes pour contribuer à la caractérisation phénotypique de la race Hamra afin de les utiliser comme base de données solides et actualisées pour l'amélioration génétique de la race Hamra et l'élaboration d'une stratégie efficace de la préservation de cette race située dans un niveau d'extinction élevé.

À la lumière des résultats obtenus dans cette étude, on peut conclure que les performances de croissance réalisées par les agneaux de la race Hamra à la ferme étatique de l'ITELV de Saida sont satisfaisantes comparées à celles obtenues ailleurs sur la même race.

Les résultats de la présente étude ont des implications pratiques pour l'élevage des ovins, mais aussi pour une meilleure connaissance des facteurs qui influencent de manière significative la variation aptitudes de croissance des agneaux de la race Hamra.

Les performances de croissance des agneaux de race Hamra sont toutes corrélées positivement entre eux et la sélection sur un caractère s'accompagnera nécessairement d'une amélioration des autres et sur la base de l'ensemble des corrélations les larges variations interindividuelles observées, il apparaît que le poids à la naissance, P 70, GMQ 0-30 et GMQ 0-90 peuvent servir comme critère de sélection pour mieux valoriser le potentiel génétique de la race Hamra.

L'analyse univarié des facteurs environnementaux ; année, sexe, mode et mois de naissance des agneaux ainsi que l'âge et le poids de la mère ont montrées une grande influence sur l'aptitude de croissance des agneaux de la race Hamra.

La modélisation linière généralisé a montré l'influence de l'ensemble des facteurs étudiés sur le poids à la naissance avec une ordre d'importance ; mode de naissance, poids des mères à la lutte, l'année, sexe d'agneau, âge de la mère et le

mois de naissance et un ordre d'hierarchie sur le gain moyen quotidien entre la naissance et le sevrage ; année, mode de naissance, poids de la mère, sexe d'agneau, âge de la mère et le poids à la naissance des agneaux.

Des plans d'alimentation adéquats sont recommandés surtout pour les portées multiples en fonction de l'âge et la parité des brebis afin d'atteindre des performances meilleures et d'aboutir à des productivités plus importantes.

Il serait intéressant dans le futur de mener la même étude sur des données collectées dans d'autres fermes privées et étatiques.

CHAPITRE 03

ETUDE DE LA DIVERSITE GENETIQUE DE LA RACE HAMRA

Le mouton nord-africain, qui a été façonné par l'homme au cours des derniers millénaires dans une remarquable diversité d'environnements, constitue une étude de cas phare pour évaluer les impacts potentiels de l'homogénéisation génétique qui menace les races traditionnelles adaptées aux conditions locales.

Les races locales sont présentes dans un pays " depuis un temps suffisant pour s'adapter génétiquement à un ou plusieurs systèmes de production ou environnements traditionnels du pays [5]. En raison de ces adaptations, ils représentent des ressources génétiques précieuses, en particulier dans le contexte du changement climatique [192]. Cependant, une grande partie d'entre eux sont très menacés d'extinction [193]. L'une des principales menaces est le croisement incontrôlé avec des races locales ou importées plus productives, avec un bénéfice à court terme. Ces pratiques conduisent à une dilution génétique ou à une diminution de la fréquence des variantes génétiques locales par l'introduction des gènes non locaux, Ceci entraîne une homogénéisation génétique des races par la perte de variantes rares et/ ou spécifiques, qui compromet l'authenticité et la viabilité des populations locales [194], [195].

Nous proposons le mouton domestique nord-africain (*Ovis aries*) comme étude de cas phare pour évaluer le problème de l'homogénéisation génétique des races locales et son impact sur les ressources génétiques des animaux de ferme. Il représente un stock vieux de 7000 ans [192], [196] avec une diversité remarquable de populations, qui ont été maintenues dans le cadre des systèmes agricoles traditionnels [197] sur des millénaires, permettre l'émergence de races adaptées localement à la grande variété d'environnements rencontrés dans cette zone. Au Maghreb, la diversité des territoires (montagnes, steppes, désert, oasis, etc.) et des climats, combinées à l'histoire des peuples, ont constitué un riche patrimoine animal [198].

Au cours des dernières décennies, les observations suivantes ont été faites en Algérie : le plébiscite de la race Ouled-Djellal en raison de sa conformation plus large a conduit à l'intensification des pratiques de croisement anarchique avec d'autres races locales ; les éleveurs, espérant par ce processus augmenter leur productivité [91], [199], [200] conduisant à l'intensification du croisement incontrôlé avec les races Ouled-Djellal , Rembi, Hamra, Berbère et autres races locales[7], [201].

Pour la Berbère, race primitive qui est censée être la plus ancienne race du Maghreb, l'absorption par un type arabe avait déjà commencé en 1900 lorsque seules des populations isolées, la plupart d'entre elles en montagne, ont été préservées [202]

Aujourd'hui, les marqueurs ADN ne détectent aucune différenciation entre Berbères, Ouled-Djellal, Rembi et Taâdmit, tandis que les Sidaoun, élevés par les Touaregs, D'Man rencontrés surtout dans les oasis, et les Tazegzawth des montagnes Kabyles et Hamra (Beni Guil au Maroc) sont génétiquement préservés [7], [201].

Notre étude de la diversité génétique ovine maghrébine s'appuie sur les races du Maroc et d'Algérie, deux pays qui représentent une partie substantielle de la zone maghrébine. La stabilisation des frontières maghrébines a commencé au 18^{ème} siècle, d'où la nécessité de mieux aborder le processus de formation du cheptel qui a commencé il y a 7000 ans, compte tenu de cette échelle géographique cohérente (c'est-à-dire que la diversité au Maghreb doit être considérée au-dessus du niveau national).

L'objectif de l'étude était d'évaluer l'évolution du cheptel ovin maghrébin, y compris l'homogénéisation génétique des races en Algérie et au Maroc tout en accordant une attention particulière au cas des races transfrontalières Hamra/Beni Guil, D'Man et Ouled-Djellal, afin de voir comment leur histoire et la structure génétique associée peuvent éclairer l'évolution du cheptel ovin maghrébin.

3.1. Matériels Et Méthodes

3.1.1. Énoncé d'éthique

Les échantillons ont été prélevés par des vétérinaires, dans tous les cas, les vétérinaires ont suivi les procédures normalisées et les lignes directrices nationales pertinentes pour assurer des soins appropriés aux animaux. Tous les échantillons et données traités dans notre étude ont été obtenus avec le consentement des éleveurs et des organismes d'élevage.

3.1.2. Races

Nous avons étudié la diversité génétique de la race Hamra en Algérie que ce soit dans les fermes étatiques ou fermes privées et pour mieux comprendre et cerner cette diversité nous avons la comparé avec la même race en Maroc appelée Beni Ghil et avec les autres races majeures de l'Algérie et le Maroc.

Au total, l'étude a portée sur dix races algériennes et marocaines représentant la plupart des races locales de cette région. Trois races transfrontalières ont été échantillonnées dans les deux pays : Ouled-Djellal, Hamra (nom algérien) /Beni Guil (nom marocain) et D'Man. La plupart des races étaient des "moutons à queue fine ", tandis que D'Man appartenait au groupe des "moutons mixtes lainage-poil", Sidaoun au groupe des "moutons poilus" ; Barbarine était la seule race "à queue grosse" de notre échantillon.

Le tableau 3.1 fournit une synthèse sur les informations essentielles des races étudiées (Nom et code d'appellation, nombre d'échantillon, principaux descripteurs phénotypiques, Origine et type, distribution, taille de la population et les Caractéristiques adaptatives de la race [11], [203]–[208].

La figure 3.1 montre la répartition des races autour de leur berceau telle que décrites par [2] pour l'Algérie et par [209] pour le Maroc.

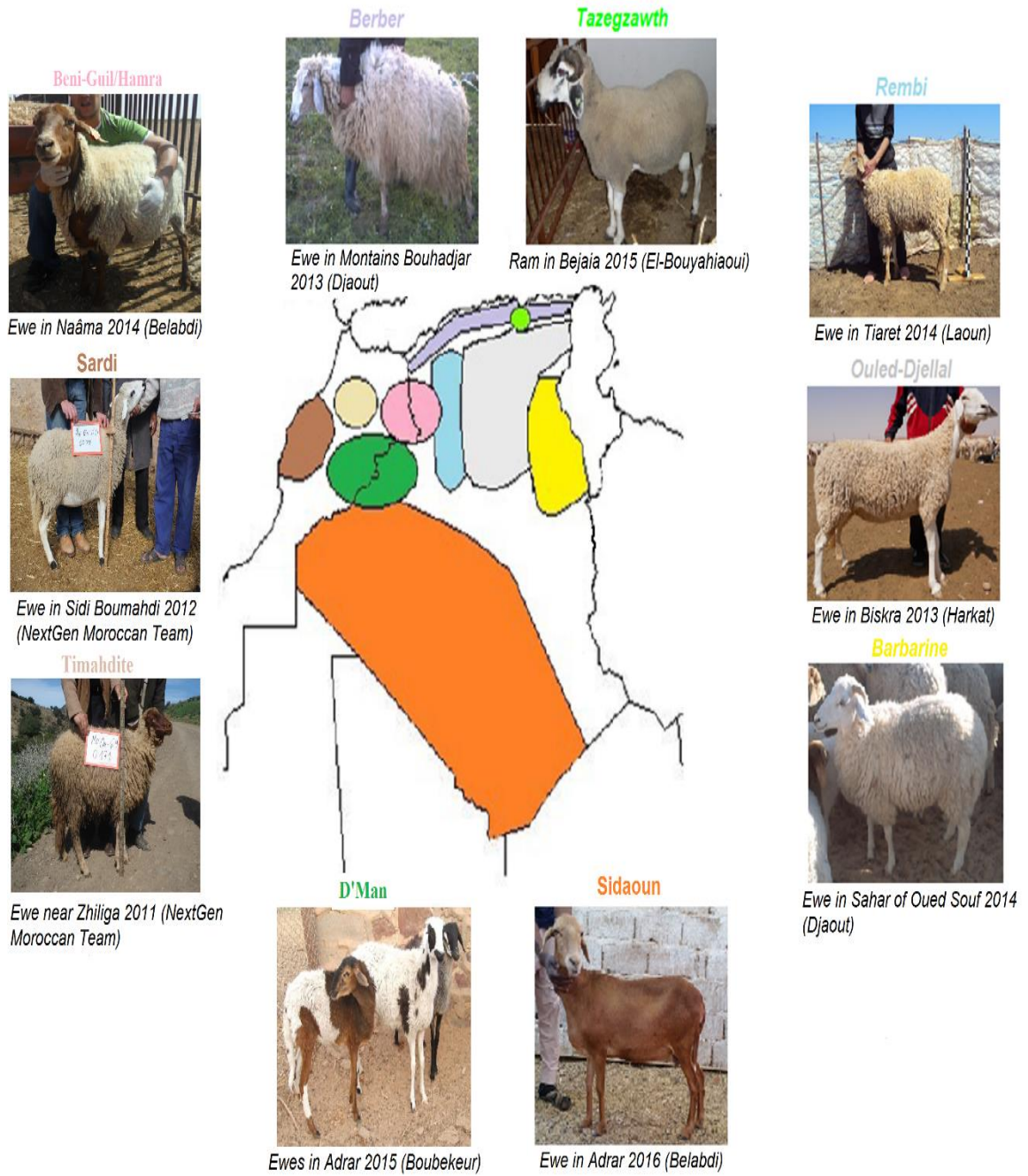


Figure 3.1 : Répartition des races maghrébines considérées autour de leur berceau telle que décrite par Chellig (1992) [2] pour l'Algérie et par Boujenane (1995) [209] pour le Maroc.

Tableau 3.1 : Détails des races ovines algérienne et marocaine.

Nom de la race (Code, pays, nb)	Descripteurs phénotypiques	Origine/type	Distribution	Taille de la population	Caractéristiques adaptatives
Ouled-Djellal (Algérie=OLDA: 6, Maroc=OLDM: 8)	Laine à queue fine Tête et corps uni (blanc)	Type arabe introduits dans le pays par les Zenete (1,2) ; ou par les Romains (3)	Est de l'Algérie s'étend jusqu'à Wadi Touil à la frontière tunisienne	11 340 000 (pour l'Algérie : 2003 FAO DAD-IS)	Conditions de steppe et de semi-steppe (adaptées aux longues marches)
Rembi (Algérie=RMBA : 6)	Laine à queue fine Pattes longues corps uni (blanc)	type arabe	Chott Chergui à l'ouest, Oued Touil à l'est et les régions de Tiaret	2 000 000 (2003 FAO DAD-IS)	Adapté au froid extrême, à la sécheresse, aux conditions de montagne et aux pâturages pauvres
Timahdite (Maroc=TMHM : 16)	Laine à queue fine Corps uni (blanc) et face brune	Origine arabe supposée (4) composite (Beni Guil et Tadla, races) (4)	Moyen Atlas, principalement Timahdite et Ain Leuh	1 500 881 (1996 FAO DAD-IS)	Bien adapté à un large éventail d'environnements pastoraux et de cultures mixtes
Barbarine (Algérie=BRBA : 5)	Laine Queue grasse	Liée à la Barbarine tunisienne introduit vers 400 av. J.-C. puis réintroduit (900 ap. J.-C.) par les Arabes du Proche-Orient asiatique (5)	Répartis dans l'est du pays, de l'oasis de l'Oued Souf jusqu'à la frontière tunisienne	48 600 (2003 FAO DAD-IS)	Capacité d'adaptation à l'alternance des périodes de sous-alimentation et de réalimentation
Sardi (Maroc=SRDM : 27)	Laine à queue fine Cornes ouvertes en forme de spirale	Origine arabe supposée (4) Traversée du Tadla (4)	Plateau central et dans la région de Tadla	21 542 (1997 FAO DAD-IS)	Bien adapté à la marche
Hamra/Beni-Guil (Algérie : 11 privées =HAMA et 9 fermes pilotes =HAMAP) Maroc=BIGM : 6)	Laine à queue fine Patte moyenne	Berbère (1) de sang arabe (6)	Steppes et hautes plaines d'Algérie (Tlemcen, El-Bayedh, Saida, Mecheria et Ani Sefra) Plateaux du Maroc oriental	55 800 (Algérie : 2003 FAO DAD-IS)	Adapté au froid, au vent et à la sécheresse
Tazegzawth (Algérie=TZGA : 6)	Laine à queue fine étrange toison tachetée de noir ; tons bleutés museau, oreilles et autour des yeux	inconnu	Montagnes Kabylie d'Algérie	moins de 2 200 (FAO 2014)	Forte adaptation aux conditions de la montagne
Berbère (Algérie=BERA : 6)	Laine à queue fine Petite conformation	Type berbère (race ancestrale) (1)	Montagnes Kabylie d'Algérie	450 000 (2004 FAO DAD-IS)	Race rustique, adaptée aux pâturages pauvres
D'Man (Algérie=DMNA : 5, Maroc=DMNM : 30)	Mouton en laine et poils mélangés, à queue fine patte courte	Contribution ancestrale probable des moutons à poils des forêts d'Afrique de l'Ouest (4)	Dans les oasis : Vallée de l'oued Saorua au sud de l'Algérie au Sahel, vallée du Ziz et plaine du Tafilalet au sud du Maroc	34 200 (pour l'Algérie : 2004 FAO DAD-IS)	Adapté aux conditions sahéliennes et à la forte prolificité
Sidaoun (Algérie=SDNA : 39)	Poilu à queue fine Patte courte, queue très longue	Originaire du Mali exploité dans des conditions nomades par le peuple touareg (7)	Haut Sahara, Tassili, montagnes et plaines du Hoggar, y compris les chaînes du Sahara et l'oasis.	23 400 (2004 FAO DAD-IS)	Adapté au climat local saharien (adapté aux longues promenades)

- (1) Sagne J. *L'Algérie pastorale, ses origines, sa formation, son passé, son présent, son avenir*. Préface de Pierre Jore d'Arces. Editeur : Alger, Imprimerie Fontana (1950).
- (2) Turries V. *Les populations ovines algériennes*. Chaire de zootechnie et de pastoralisme, 16p. INA, Alger (1976).
- (3) Trouette M. *La sélection ovine dans le troupeau indigène*. Direction des Services de l'Élevage. Imprimerie P. Guiauchin, Alger, 1-10 (1933).
- (4) Guessous F., Rihani N., Kabbali A. and Johnson W. L. Improving feeding systems for sheep in a Mediterranean rain-fed cereals/livestock area of Morocco. *Journal of Animal Science* **67**, 3080-3086 (1989).
- (5) Sanson A. *Les moutons. Histoire naturelle et zootechnie*. Quatrième édition. Ouvrage orné de 56 gravures. Paris, Librairie agricole de la maison rustique (1885).
- (6) Mason I.L. *A Dictionary Of Livestock Breeds* (1969).
- (7) Lahlou-Kassi A., *et al.* Performance of D'Man and Sardi sheep on accelerated lambing I. Fertility, litter size, postpartum anoestrus and puberty. *Small Ruminant Research* **2**, 225–239 (1989).

3.1.3. Plan d'échantillonnage

Les échantillons ont été prélevés, par ponction de la veine jugulaire dans des tubes vacutainer contenant de l'EDTA, sur des moutons dont le type a été jugé conforme aux caractéristiques phénotypiques de cette race. Les individus sélectionnés avaient des parents et des grands-parents non apparentés d'après les renseignements fournis par les propriétaires ou les instituts étatiques.

L'ensemble des données numérique brutes de génotypage des ovins comprenait ; **46** échantillons algériens provenant de l'étude de Gaouar et al (2016) [201], **87** échantillons marocains fournis par le projet NextGen (Convention de subvention n° 244356), plus **47** échantillons algériens génotypés pour cette étude pour augmenter le nombre des échantillons de la race Hamra (**14**) et la Sidaoun (**33**).

Les génotypes de la race Hamra algérienne précédemment disponibles [201] (n=6) n'étaient représentatifs que d'une ferme pilote (Aïn El Hadjar) ; avec l'échantillonnage supplémentaire, un total de 9 échantillons de différentes fermes étatiques et 11 échantillons de fermes privées était disponible pour cette race. Voir tableau 3.1 des échantillonnages.

Le plan d'échantillonnage a été élaboré de manière à ce qu'il soit possible d'étudier des populations de la même race qui avaient évolué dans des conditions différentes.

Tableau 3.2 : échantillons de notre étude

Race	Sample ID	Latitude	Longitude
HAMA	S50091	33.301	-0.7668
HAMA	S50092	34.7583	0.1184
HAMA	S50093	34.6206	0.0563
HAMA	S50094	32.7504	-0.6026
HAMA	S50095	32.7046	-0.7019
HAMA	S50096	33.2965	-0.7139
HAMA	S50097	32.5175	-0.5785
HAMA	S50098	32.7888	-0.6263
HAMA	S50099	33.5659	-0.2065
HAMA	S50100	35.0246	0.04652
HAMA	S50101	35.0230	0.1039
HAMA	S50102	35.0429	0.0626
HAMA	S50103	33.6865	1.0037
HAMA	S50105	32.7317	-0.8608
SDNA	S50106	33.3322	6.8814
SDNA	S50107	33.3854	6.9024
SDNA	S50108	33.3517	6.8701
SDNA	S50109	33.3516	6.8703
SDNA	S50110	33.3387	6.8663
SDNA	S50111	33.3353	6.8768
SDNA	S50112	33.2903	6.8729
SDNA	S50113	33.2903	6.8729
SDNA	S50114	33.2906	6.8725
SDNA	S50115	33.2984	6.8899
SDNA	S50116	33.2978	6.8896
SDNA	S50117	31.6195	6.2761
SDNA	S50118	31.6189	6.2780
SDNA	S50119	28.3578	-0.2186
SDNA	S50120	28.2312	-0.1762
SDNA	S50121	28.0251	-0.2532
SDNA	S50122	27.9472	-0.2847
SDNA	S50123	27.8770	-0.2868
SDNA	S50124	27.9234	-0.3836
SDNA	S50125	22.659	4.3923
SDNA	S50126	22.8978	4.8502
SDNA	S50127	22.9692	5.2327
SDNA	S50128	22.7705	5.4990
SDNA	S50129	22.6882	5.4455
SDNA	S50130	22.6235	5.42354
SDNA	S50131	22.7235	5.5824
SDNA	S50132	22.7262	5.5642
SDNA	S50133	23.7272	5.2595
SDNA	S50134	23.7320	5.2479
SDNA	S50135	23.6894	5.1454
SDNA	S50136	23.6873	5.1609
SDNA	S50137	23.3565	5.12307
SDNA	S50138	23.0080	5.25041

3.1.4. Génométypage et contrôle qualité des SNP

Les échantillons de sang ont été cryoconservés jusqu'à l'extraction et l'analyse de l'ADN.

Tous les animaux algériens ont été génotypés pour 54 241 SNP à l'aide de la puce de génotypage Illumina® OvineSNP50K BeadChip (Illumina, Inc.), selon les procédures opératoires standard recommandées par le fabricant. Le génotypage a été réalisé par le Laboratoire Van Haeringen en Hollande (Wageningen, Pays-Bas).

Les données SNP marocaines ont été extraites de la variation WGS (whole genome sequencing) en utilisant les coordonnées SNPchip 50K des SNPs sur l'ensemble du génome de référence OAR v3.1 utilisant Vcf tools [210] *.

* Le format d'appel de variante (VCF) est un format générique pour stocker les données de polymorphisme de l'ADN telles que les SNPs, les insertions, les suppressions et les variantes structurales, avec des annotations riches. Le VCF est généralement stocké sous forme comprimée et peut être indexé pour une extraction rapide des données des variants à partir d'une gamme de positions sur le génome de référence. VCFtools est une suite logicielle qui implémente divers utilitaires pour le traitement des fichiers VCF, y compris la validation, la fusion et la comparaison [210].

L'ensemble de données marocains et algériens ont été fusionnés, et les SNP et les animaux ont été élagués par PLINK v1.07 [211]** en utilisant les paramètres de filtrage suivants : (i) Taux d'appel SNP $\leq 97\%$, (ii) Fréquence des allèles mineurs SNP $\geq 1\%$, (iii) animaux présentant $\leq 10\%$ génotypes manquants.

** PLINK, un ensemble d'outils C/C++/WGAS (Whole-genome association studies) à code source libre, qui permet de manipuler et d'analyser rapidement et intégralement de grands ensembles de données comprenant des centaines de milliers de marqueurs - des milliers d'individus. En plus de fournir des outils pour rendre les étapes analytiques de base plus efficaces sur le plan du calcul, PLINK prend également en charge de nouvelles approches des données sur l'ensemble du génome qui tirent parti de la couverture du génome entier dans les cinq principaux domaines fonctionnels : gestion des données, statistiques sommaires,

stratification démographique, analyse des associations et estimation identité par descende [211].

3.1.5. Analyse des données

3.1.5. 1. Diversité génétique, cycles d'homozygotie et segments d'identité par descendance (IBD)

Les coefficients de consanguinité (F_{is}) et l'homozygotie observée par individu ont été calculés dans chaque race en utilisant PLINK.

Des cycles d'homozygotie (ROHs) ont été identifiés avec PLINK en utilisant une approche par fenêtres coulissante. La fraction de 50 fenêtres SNP presque entièrement homozygotes (c'est-à-dire permettant : un SNP hétérozygote, cinq génotypes manquants et un écart maximum de 1000 kb) a été calculée suite aux recommandations de [212]. Afin de réduire l'occurrence des ROH parasites, le nombre minimal de SNP requis pour constituer un ROH a été estimé à l'aide de la méthode proposée par [213].

Le logiciel BEAGLE 4.1 [214] a été utilisé pour la détection de segments de IBD (consanguinité) avec le paramètre `ibdtrim` réglé à 40. Les segments ayant un score LOD <4 et un cM inférieur à 0,5 ont été exclus. Les individus présentant des valeurs $F_{is} >0,1$ ont été exclus.

3.1.5.2. Structure génétique

La subdivision de la population a été examinée en calculant par paires les valeurs F_{ST} de [215] et les intervalles de confiance à 95 % associés à l'aide de Analyse des données génétiques GDA [216] .

Nous avons utilisé l'approche réseau mise en œuvre dans NetView v.1.1[74], [217] disponible dans R.

Cet outil de visualisation permet d'analyser des structures génétiques complexes via la construction de réseaux de population, à travers des seuils mutuels de k voisins les plus proches appliqués aux SNPs génomiques.

PLINK a été utilisé pour construire la matrice initiale de la distance de partage d'allèles (ASD) (--distance-matrice, c'est-à-dire 1 - Identity by Similarity).

Comme recommandé [74] l'ensemble de données a d'abord été soumis à un contrôle de qualité (c.-à-d. fréquence des allèles mineurs ($<0,01$) et dérivation significative de l'équilibre de Hardy-Weinberg ($P<0,001$)).

Nous avons exploré les données dans une plage de k (c'est-à-dire un paramètre déterminant le nombre de voisins les plus proches les uns des autres) de 2 à 100 qui a été déterminée selon la recommandation de Neuditschko et al 2012 avec la fonction " selection plot " parcelle de sélection.

Un arbre basé sur les distances de ASD entre les individus et un graphique de voisinage basé sur les distances génétiques F_{ST} ont été construits à l'aide de Splitstree [218].

Logiciel ADMIXTURE [75] a été utilisé pour étudier le regroupement d'individus. ADMIXTURE a été exécuté pour $K=2$ à $K=14$, et 10 passages indépendants ont été effectués pour chaque valeur de K . Le programme CLUMPAK [219] (disponible sur le site (<http://clumpak.tau.ac.il>)) a été utilisé pour analyser les multiples passes indépendantes à un seul K et visualiser les résultats.

De plus, nous avons analysé la mise en grappes sur la base des haplotypes à l'aide de fineSTRUCTURE [76], après filtrage et mise en phase avec SHAPEIT.2 [81] généré de données peintes avec CHROMOPAINTER [76] et visualisation de la distribution postérieure des grappes à l'aide de l'algorithme de construction d'arbres de fineSTRUCTURE.

L'analyse spatiale des composantes principales (sPCA) a été effectuée avec le R (R Core Team 2013) package ADEGENET [80] on utilisant la triangulation Delaunay comme réseau de connexion [77]. Des tests de Monte Carlo ont été utilisés pour vérifier la signification statistique des structures spatiales (structure spatiale globale et/ou locale) pour 10 000 itérations. Les résultats sPCA ont été visualisés en traçant les échantillons selon leurs coordonnées géographiques et en les coloriant selon leurs scores respectifs le long des trois premières composantes sPCA.

3.1.6. L'ACCESSIBILITÉ DES DONNÉES

Les génotypes obtenus avec la puce de génotypage BeadChip d'Illumina SheepSNP50K (fichiers de génotypes et fichiers de marqueurs par chromosomes) pour les races Sidaoun et Hamra en format Plink sont disponibles dans le dépôt numérique Dryad (Dryad Digital Repository,

[https:// doi.org/10.5061/dryad.24p1k82](https://doi.org/10.5061/dryad.24p1k82)).

3.2. Résultats

Au total, 180 ovins (93 d'Algérie et 87 du Maroc) de dix races (trois races transfrontalières, cinq races algériennes et deux races marocaines) ont été considérés pour 36 376 SNP après avoir fusionné les données marocaines et algériennes.

3.2.1. Coefficients de consanguinité F_{IS}

Le paramètre F_{IS} de Wright, dénommé aussi indice de fixation et appelé auparavant coefficient de consanguinité [221] est calculé selon la formule :

$$F_{IS} = (h_e - h_o) / h_e = 1 - (h_o/h_e).$$

Avec h_o , l'hétérozygotie observée et h_e l'hétérozygotie attendue, calculée à partir des fréquences alléliques dans l'hypothèse de Hardy-Weinberg. Il reflète la différenciation des individus à l'intérieur des populations ($F_{IS} = 1$ signifie fixation complète (cas d'autofécondation), F_{IS} inférieur à 1 : hétérozygotie excédentaire, $F_{IS} = 0$: population en équilibre de Hardy-Weinberg. $F_{IS} < 0$: hétérozygotie excédentaire, donc le F_{IS} mesure l'écart à la panmixie (déficit d'hétérozygote) dû à la consanguinité du régime de reproduction au sein de la population.

Dans notre étude (tableau 3.3), la valeur moyenne des coefficients de consanguinité F_{IS} était plutôt faible (moyenne= -0,044, s.d.=0,06), 129 individus (soit 71,7 %) ayant des valeurs négatives. Au total, 22 individus ont présenté un déficit prononcé d'hétérozygotie avec des valeurs $F_{IS} > 0,1$; ce sont surtout Barbarine (BRBA) et D'Man marocain (DMNM) qui ont été touchés, avec respectivement 40% et 43,3% de leurs individus.

Pour la race Hamra, nous avons trouvés un faible coefficient de consanguinité F_{IS} de -0,007 avec 13 individus qui ont présenté un F_{IS} négatif et aucun individu présentant un $F_{IS} > 0,1$. Pareil pour la race Beni Ghil de Maroc ou nous avons constaté une moyenne faible de F_{IS} -0,089.

Tableau 3.3 : coefficient de consanguinité F_{IS}

Race	Nombre	F_{IS}	N nég	$F_{IS} > 0,1$
BERA	6	-0,064528333	5	0
BIGM	6	-0,089521667	6	0
BRBA	5	-0,006346	3	2
DMNA	5	-0,137592	5	0
DMNM	30	0,083383633	14	13
HAMA	20	-0,00746355	13	0
OLDA	6	-0,08821	6	0
OLDM	8	-0,04668625	7	0
RMBA	6	-0,086273333	6	0
SDNA	39	0,019550897	26	3
SRDM	27	0,006770015	20	3
TMHM	16	-0,025606875	14	0
TZGA	6	-0,032066667	4	1
	180		129	22

3.2.2. Indice de diversification F_{ST} par paire

F_{ST} est défini l'indice (variance standardisée) comme l'hétérogénéité des fréquences alléliques entre subdivisions d'une population. Il représente la corrélation entre allèles à l'intérieur d'une sous-population par rapport à l'ensemble des sous populations. D'après Wright, 1978 : $0 < F_{ST} < 0,05$: différenciation faible, $0,05 < F_{ST} < 0,15$: différenciation modérée, $0,15 < F_{ST} < 0,25$: différenciation importante, $F_{ST} > 0,25$: différenciation très importante [221].

Le calcul de F_{ST} (tableau 3.4) a été utilisé pour explorer les relations et la distance génétique entre les races. Deux groupes ont été détectés ;

Le premier, composé d'Ouled-Djallal d'Algérie et du Maroc (OLDM, OLDA), D'Man du Maroc (DMNM), Hamra d'Algérie (HAMA), Beni-Guil (BIGM, également appelé Hamra en Algérie), Berber (BERA), Sardi (SRDM), Timahdite (TMHM) et Rembi (RMBA) a une valeur moyenne mondiale F_{ST} de 0.0024 avec intervalles de

confiance à 95% de [0,0021-0,0026] et a montré des valeurs très faibles de F_{ST} par paire ($<0,006$) dont neuf n'étaient pas significativement différentes de zéro (voir intervalles de confiance).

Le second, les valeurs de F_{ST} par paires variaient de 0,022 (Barbarine, BRBA/Rembi, RMBA) à 0,113 (Hamra conservé en Algérie, HAMAP/Tazegzawth, TZGA).

Considérant les résultats de coefficient par paire F_{ST} , la race marocaine Beni-Guil n'a pas été différencié de Hamra (HAMA) échantillonné dans des exploitations privées algériennes (valeur de la F_{ST} non significativement différente de zéro) mais clairement différencié de la population algérienne de Hamra conservée dans des exploitations pilotes (HAMAP) ($F_{ST}=0.051$) ; Le graphique de voisinage basé sur la distance génétique F_{ST} (figure 3.2) permet de visualiser ces résultats.

Tableau 3.4 : F_{ST} par paire entre races algérienne et marocaine

	SDNA	BERA	RMBA	BRBA	DMNA	OLDA	HAMA	HAMAP	TZGA	BIGM	SRDM	OLDM	DMNM
SDNA													
BERA	[0.036-0.041] 0.038												
RMBA	[0.036-0.040] 0.038	[-0.000-0.003] 0.001											
BRBA	[0.059-0.062] 0.060	[0.021-0.026] 0.023	[0.021-0.024] 0.022										
DMNA	[0.041-0.044] 0.042	[0.032-0.036] 0.034	[0.032-0.037] 0.035	[0.052-0.058] 0.055									
OLDA	[0.037-0.039] 0.038	[0.002-0.006] 0.004	[-0.002-0.002] 0.000	[0.022-0.025] 0.023	[0.034-0.037] 0.035								
HAMA	[0.032-0.036] 0.034	[0.001-0.004] 0.002	[0.001-0.003] 0.002	[0.022-0.026] 0.024	[0.031-0.034] 0.032	[0.001-0.002] 0.001							
HAMAP	[0.077-0.082] 0.080	[0.049-0.053] 0.051	[0.050-0.054] 0.052	[0.071-0.075] 0.073	[0.080-0.085] 0.082	[0.050-0.054] 0.052	[0.043-0.046] 0.045						
TZGA	[0.096-0.100] 0.098	[0.064-0.068] 0.066	[0.064-0.068] 0.066	[0.085-0.091] 0.087	[0.097-0.102] 0.098	[0.064-0.068] 0.066	[0.060-0.064] 0.062	[0.111-0.118] 0.113					
BIGM	[0.032-0.036] 0.034	[-0.001-0.002] 0.001	[-0.001-0.003] 0.002	[0.021-0.025] 0.022	[0.030-0.035] 0.032	[0.001-0.004] 0.002	[-0.002-0.001] -0.000	[0.048-0.053] 0.051	[0.064-0.069] 0.067				
SRDM	[0.032-0.035] 0.034	[0.003-0.005] 0.004	[0.004-0.006] 0.005	[0.027-0.031] 0.029	[0.031-0.033] 0.029	[0.005-0.007] 0.006	[0.002-0.004] 0.003	[0.048-0.052] 0.050	[0.064-0.067] 0.065	[0.001-0.003] 0.002			
OLDM	[0.034-0.037] 0.036	[0.000-0.004] 0.002	[-0.000-0.002] 0.001	[0.021-0.025] 0.022	[0.030-0.033] 0.031	[0.000-0.003] 0.002	[-0.000-0.002] 0.001	[0.048-0.052] 0.050	[0.062-0.067] 0.065	[-0.002-0.001] 0.000	[0.003-0.005] 0.004		
DMNM	[0.026-0.029] 0.028	[0.001-0.003] 0.002	[0.001-0.004] 0.002	[0.022-0.025] 0.023	[0.025-0.028] 0.026	[0.002-0.004] 0.003	[0.002-0.003] 0.002	[0.047-0.051] 0.049	[0.061-0.065] 0.063	[-0.002-0.000] -0.001	[0.003-0.005] 0.004	[0.000-0.003] 0.001	
MHM	[0.033-0.036] 0.035	[0.002-0.005] 0.003	[0.003-0.006] 0.004	[0.026-0.029] 0.027	[0.031-0.033] 0.032	[0.004-0.006] 0.005	[0.002-0.003] 0.002	[0.045-0.049] 0.047	[0.062-0.065] 0.063	[0.000-0.002] 0.001	[0.002-0.003] 0.002	[0.002-0.004] 0.003	[0.002-0.003] 0.002

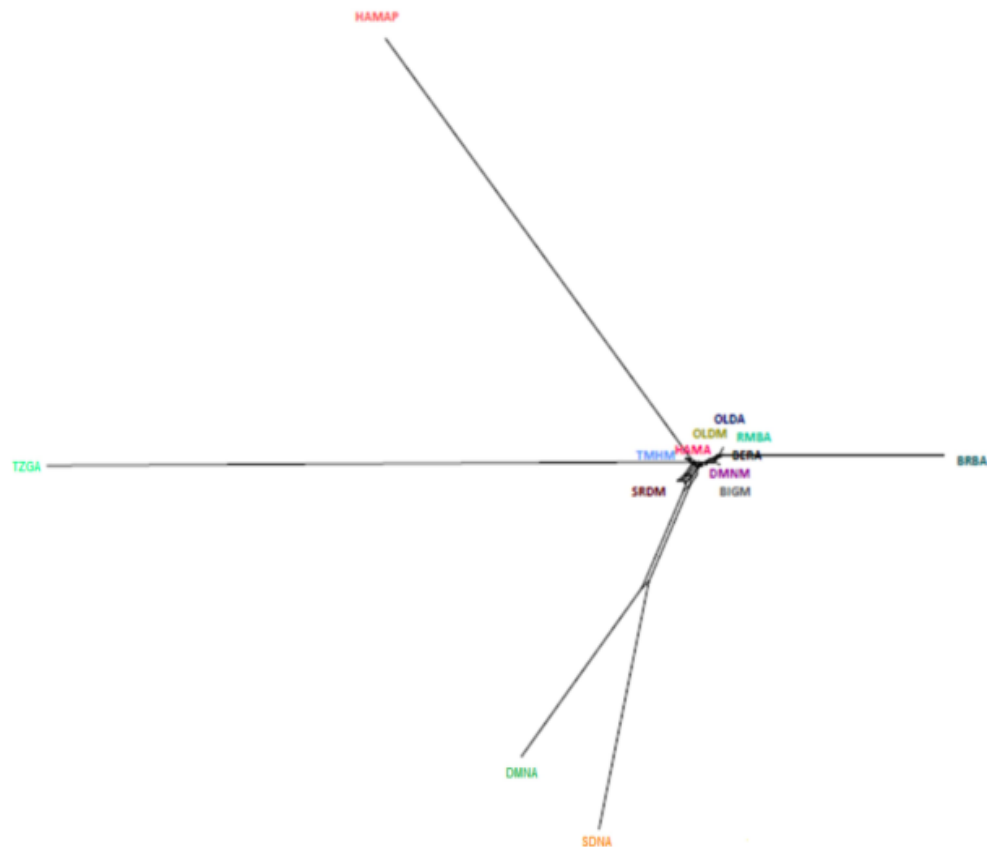


Figure 3.2 : graphique de voisinage basé sur la distance génétique F_{ST}

3.2.3. L'analyse ADMIXTURE

L'étude de regroupement d'individus par le logiciel ADMIXTURE a révélé le même schéma de l'analyse de la structure génétique par F_{ST} où les moutons étaient caractérisés par deux groupes (figure 3.3) :

Dans le groupe "non homogène", la race Sidaoun (SDNA) a été différenciée de toutes les autres races pour un $K=2$ (c'est-à-dire l'erreur de validation croisée (CV) la plus faible) et a montré un chevauchement génétique avec l'algérien D'Man (DMNA). L'augmentation K de 3 à 6, a assigné des groupes à la population Hamra préservée (HAMAP), Tazegzawth (TZGA), Barbarine (BRBA) et D'Man Algérien (DMNA).

Le second groupe, ou "groupe homogène", était caractérisé par un important phénomène d'homogénéisation, et comprenait toutes les races restantes. A $K=7$, quelques individus D'Man du Maroc (DMNM) ont montré une distinction génétique

est une bonne structuration intra-race était également apparente pour les races SDNA, HAMAP, BRBA et DMNA.

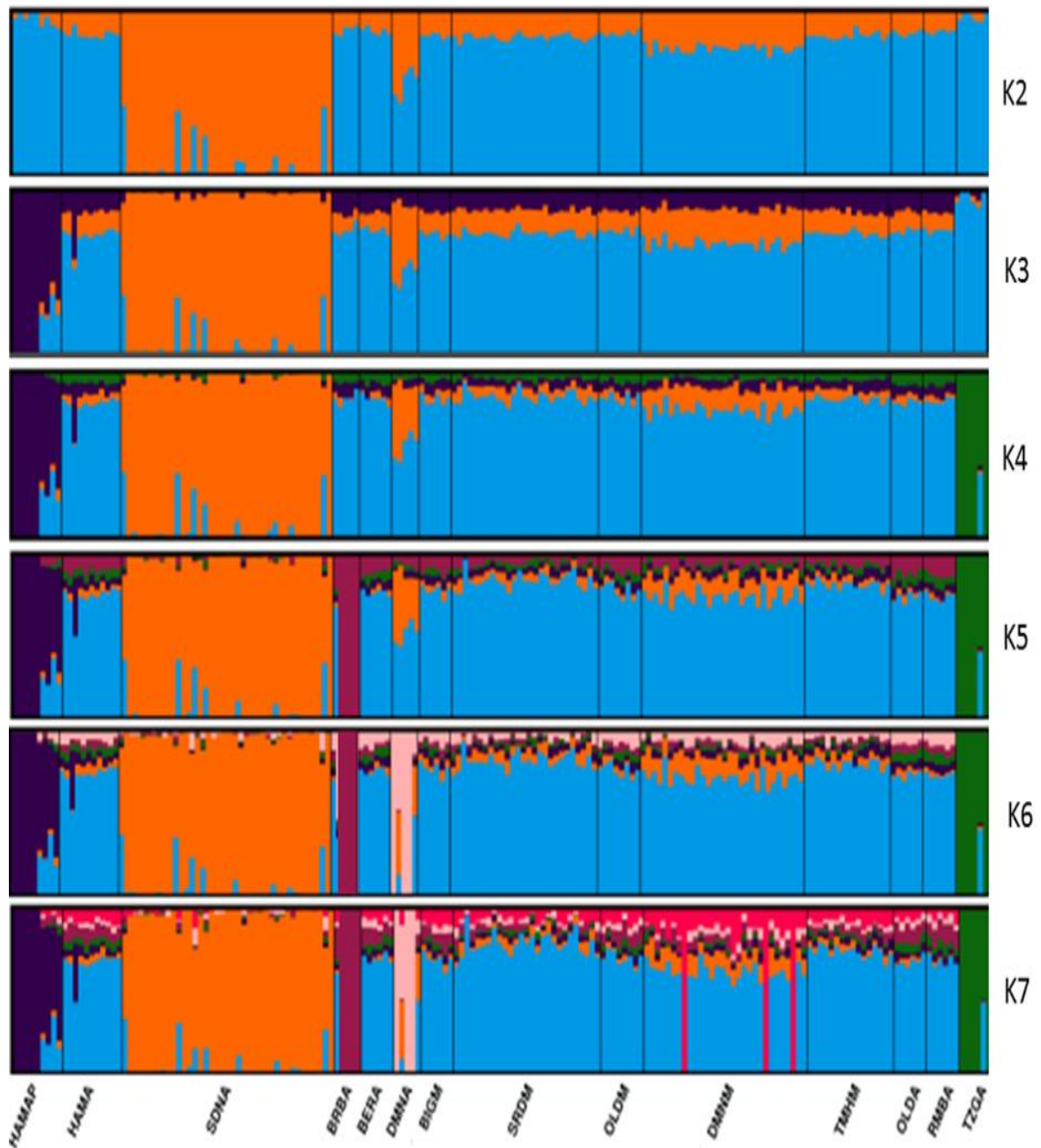


Figure 3.3 : Clustering bayésien réalisé avec le logiciel ADMIXTURE sur moutons marocains et algériens. K = nombre de grappes

3.2.4. Structure génétique par NetView

NetView a été utilisé pour représenter la structure génétique de l'ensemble de données selon un gradient des valeurs de k (de 2 à 100), permettant l'étude d'une gamme de structures, allant des structures de population à petite échelle, révélées par une petite de k , aux structures de population à grande échelle, révélées par une valeur élevée de k (voir Figure 3.4).

Comme les individus présentant une valeur $FIS > 0,1$ ont été retirés de l'analyse [74], nous avons été amenés à retirer la race Barbarine (BRBA), qui n'était alors représentée que par trois individus. Le réseau de données simulé était basé sur un arbre de chevauchement minimal.

A l'échelle fine (Figure 3.4 a, $k=15$), la topologie de la grappe homogène du réseau a montré l'existence de quatre groupes homogènes correspondant à Sidaoun (SDNA), D'Man algérien (DMNA), Tazegzawth (TZGA) et la race Hamra préservée dans les fermes étatiques (HAMAP). Il est intéressant de noter que le HAMAP est étroitement lié à un individu du race HAMA (algérien) échantillonné dans une ferme privée et la plupart des autres individus étaient très liées entre elles.

A $k=25$ (Figure 3.4 b), D'Man algérienne (DMNA) a été connecté (i) au noyau central et mélangé, via un individu D'Man marocain (DMNM), (ii) et d'un autre côté, au cluster Sidaoun (SDNA).

Avec $k = 75$ (Figure 3.4 c), des liens clairs sont apparus entre D'Man algérien (DMNA) et Sidaoun (SDNA) ; de plus, seuls les individus de Tazegzawth (TZGA) sont restés sans lien avec le noyau central. La connexion du TZGA au noyau central n'a été observée qu'à $k=100$ (Figure 3.4 d) et via un individu berbère (BERA) (c'est-à-dire une race élevée en montagne kabyle comme TZGA).

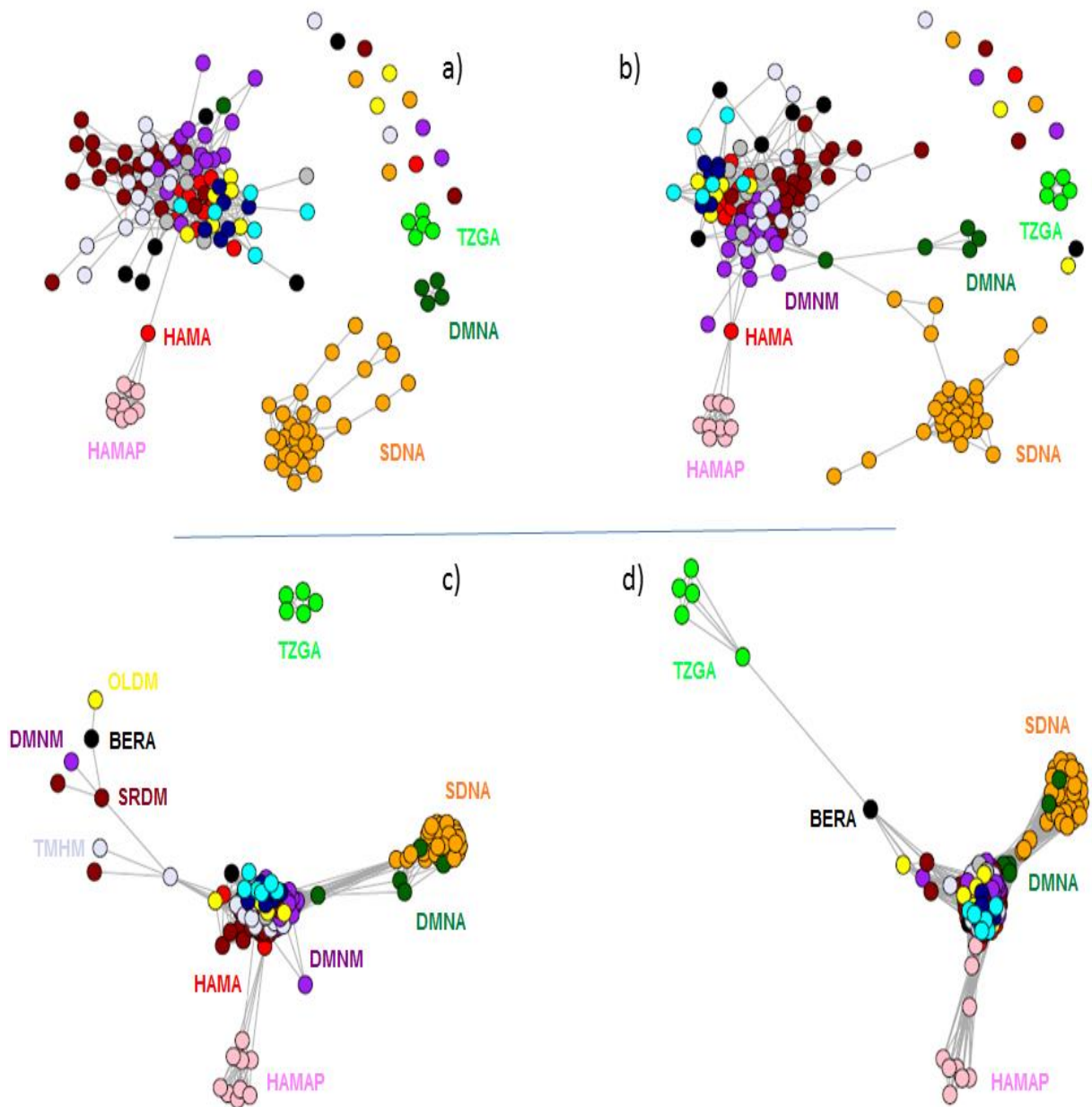


Figure 3.4 : Graphiques réciproques des plus proches voisins obtenus à partir de NetView et considérant les valeurs k suivantes : $k=15$ a), $k=25$ b), $k=75$ c) et $k=100$ d). Les nuances de couleur représentent différentes races

3.2.5. Historique démographique des races

La consanguinité est reconnue depuis longtemps comme une cause principale de réduction de la condition physique chez les populations sauvages et domestiquées. Les accouplements consanguins provoquent l'hérédité d'haplotypes identiques par filiation (IBD Identical By Descent) et entraînent des étirements homozygotes (Run Of Homozygosity, ROH) le long du génome de la progéniture et ils sont utilisés comme source d'information sur l'histoire démographique des populations [78].

Étant donné la taille limitée de certains échantillons, les analyses des segments IBD et ROH n'était pas d'étudier pour chaque race en fonction des valeurs obtenues, mais d'évaluer dans quelle mesure ces méthodes mettaient également en évidence des schémas forts, c'est-à-dire des divisions nettes entre groupes de races.

3.2.5.1. Cycles d'homozygotie (ROH)

Les cycles d'homozygotie (ROH) sont des parties contiguës longues de génotypes homozygotes qui sont présents chez un individu parce que les parents transmettent des haplotypes identiques à leur progéniture [222]. L'abondance, la longueur et la distribution génomique de la ROH constituent une source précieuse d'informations sur l'histoire démographique des espèces animales [78].

Le tracé des nombres de ROH trouvés pour chaque génome individuel par rapport à la taille totale de ROH (figure 3.5) a permis de visualiser une séparation claire entre deux groupes :

Le premier groupe (figure 3.5 a) se composait de huit races (c'est-à-dire un groupe contenant la race DMNA plus toutes les races, sauf DMNM et SRDM, qui ont été identifiés par les analyses précédentes de F_{ST} , Admixture et NetView comme appartenant au groupe "homogène"), avec une majorité d'individus présentant très peu de ROH, la plupart étant de petite taille. Le panel de 50 K SNP n'a détecté aucun ROH pour Beni-Guil (BIGM), Hamra échantillonné dans des fermes privées algériennes (HAMA), population algérienne Ouled-Djellal (OLDA) et Rembi (RMBA). Un tel profil est caractéristique des populations mélangées[79], [223].

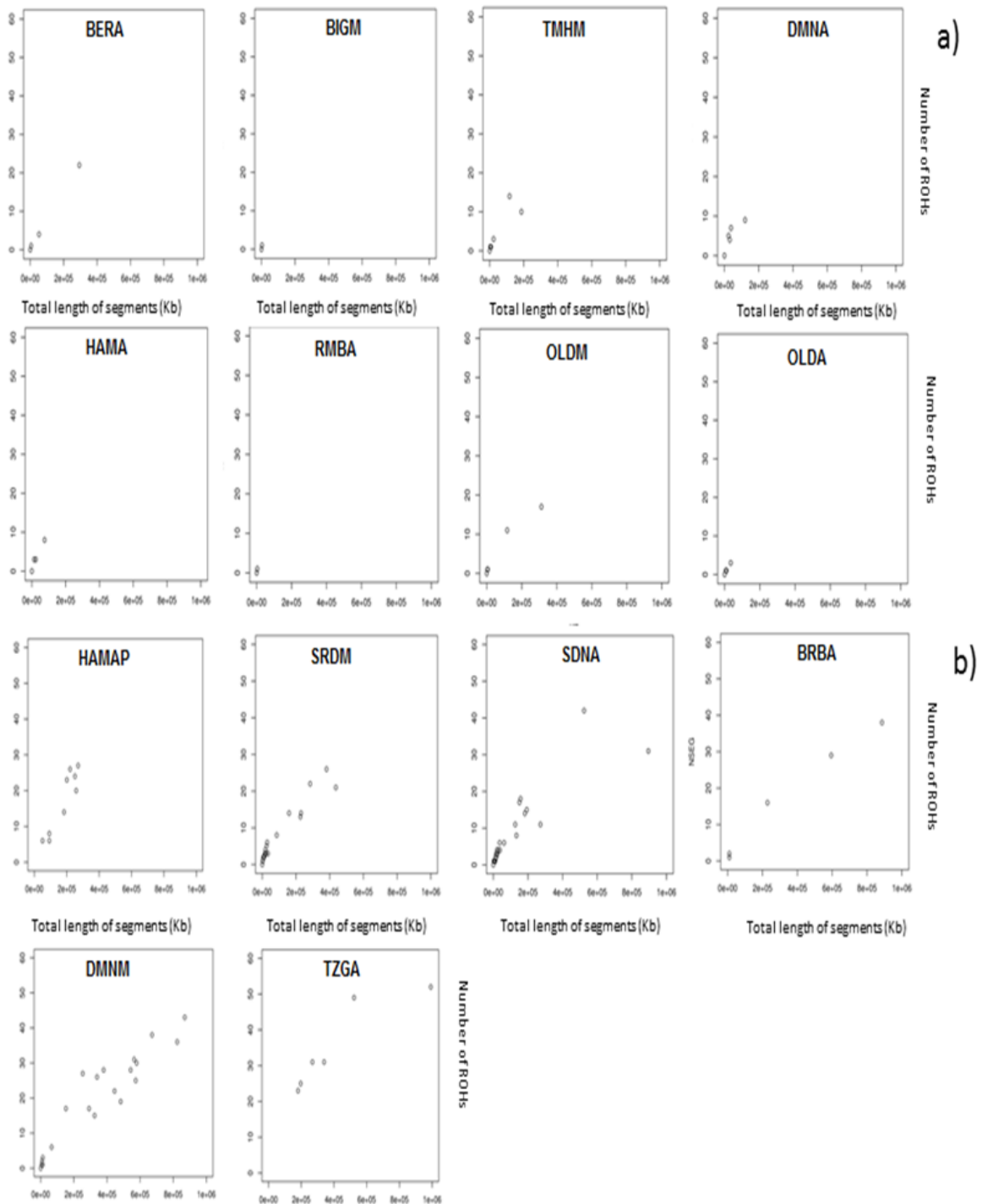


Figure 3.5 : Des cycles d'homozgotie (ROH) identifiés pour les races ovines marocaines et algériennes. Le nombre de ROH trouvé pour chaque génome individuel (axe des y) est représenté par rapport à la taille totale des ROH (c'est-à-dire le nombre de Kb couverts par ROH dans chaque génome, axe des x) ; a) races dans lesquelles la longueur des ROH était proche de zéro, b) autres races.

Le deuxième groupe (figure 3.5 b), comprenant Barbarine (BRBA), Tazegzawth (TZGA), la population conservée de Hamra algérien (HAMAP), Sidaoun (SDNA) (c'est-à-dire toutes les races identifiées par les analyses précédentes, F_{ST} , Admixture et NetView, comme appartenant au groupe "non homogène", sauf DMNA), ainsi que Sardi (SRDM), et la population D'man marocaine (DMNM). Ce deuxième groupe se caractérisait par un nombre plus élevé de ROHs.

Tazegzawth (TZGA) a montré plusieurs longs fragments ROH, un modèle caractéristique de consanguinité récente, résultant en un $F_{ROH} > 0,1$ (F_{ROH} est la possibilité de prédire ou d'estimer l'autozygoté individuelle d'une sous-population est la proportion du génome autosomique au-dessus d'une longueur donnée [224]) pour quatre individus sur les six considérés (Tableau 3.5). De même, de longs fragments de ROH ont été détectés chez Barbarine et le F_{ROH} a montré des valeurs très élevées (c'est-à-dire 0,22 et 0,34) pour deux des cinq individus.

Tableau 3.5 : La consanguinité génomique dérivée de la couverture de ROH (F_{ROH}) en considérant les races ovines algériennes et marocaines.

Races	Effectif	$F_{ROH} < 0.01$ (%)	$0.01 < F_{ROH} < 0.1$ (%)	$F_{ROH} > 0.1$ (%)
Sidaoun	39	26 (67%)	10 (26%)	3 (8%)
Berber	6	5 (83%)	0 (0%)	1 (17%)
Rembi	6	6 (100%)	0 (0%)	0 (0%)
Barbarine	5	2 (40%)	1 (20%)	2 (40%)
D'Man d'Algérie	5	3 (60%)	2 (40%)	0 (0%)
Ouled-Djellal d'Algérie	6	5 (83%)	1 (17%)	0 (0%)
Hamra fermes privées	11	10 (91%)	1 (9%)	0 (0%)
Hamra d'Algérie fermes pilotes	9	0 (0%)	9 (100%)	0 (0%)
Tazegzawth	6	0 (0%)	2 (33%)	4 (67%)
Beni-Guil	6	6 (100%)	0 (0%)	0 (0%)
Sardi	27	16 (59%)	8 (30%)	3 (11%)
Ouled-Djellal de Maroc	8	6 (75%)	1 (13%)	1 (13%)
D'Man de Maroc	30	14 (47%)	3 (10%)	13 (43%)
Timahdite	16	14 (88%)	2 (13%)	0 (0%)

La race Hamra, conservé dans les fermes pilotes algériennes (HAMAP), a fait l'objet d'une attention particulière à travers l'analyse de la répartition de ROH selon leur taille (figure 3.6).

Pour cette race, ROH a montré une distribution assez uniforme pour les catégories de longueur courte et intermédiaire. Une telle tendance est caractéristique d'une population isolée fondée sur une population source de taille assez importante, alors qu'une tendance différente montrant une surreprésentation des ROH courts aurait été la signature d'un fort goulet d'étranglement démographique [212], [222]. De plus, la faible abondance des ROH longs suggère que des pratiques de gestion ont été utilisées pour éviter la consanguinité du HAMAP, ce qui a été confirmé par les valeurs F_{ROH} (Tableau 3.5).

L'étude de la distribution ROH (figure 3.6) a également révélé des niveaux élevés de consanguinité pour la population D'man marocains (DMNM). En effet, la distribution des tailles ROH était relativement uniforme pour les classes entre 5 et 25 Mb alors qu'un pic a révélé des valeurs très élevées pour des ROH extrêmement longs (>30 Mb).

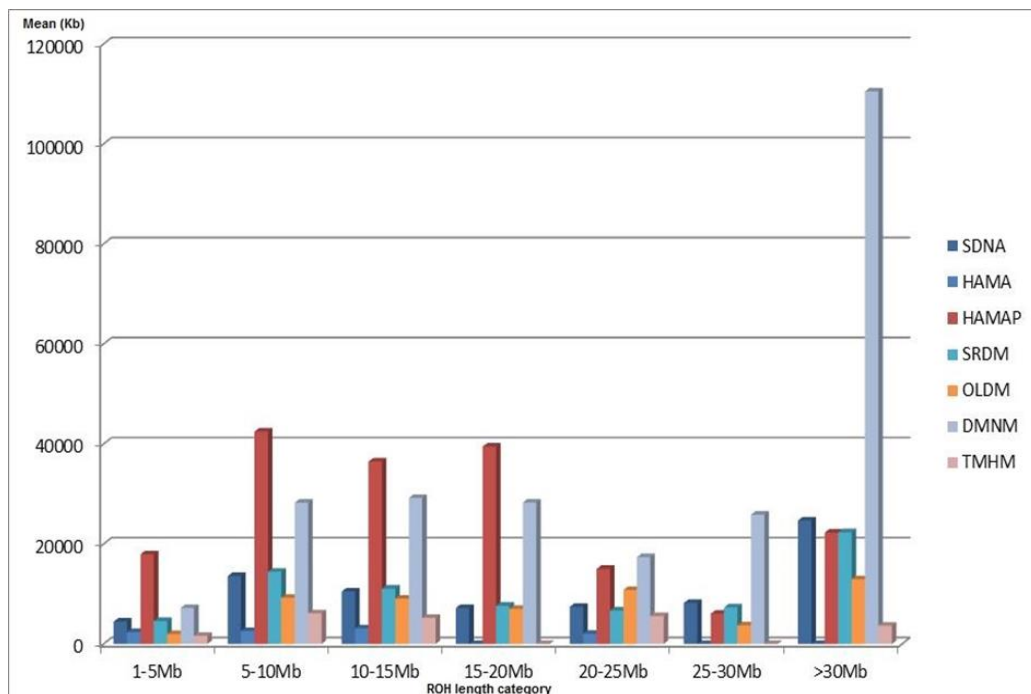


Figure 3.6 : Classification du ROH en sept catégories (axe des x) selon la taille (de 1 à 5 Mb à plus de 30 Mb) et la somme moyenne du ROH (axe des y, mesurée en kilobases) au sein de chaque catégorie de ROH et moyenne par race.

3.2.5.2. Segment Identique Par Descente (segment Identical By Descent IBD)

IBD est un terme utilisé en généalogie génétique pour décrire un segment d'ADN correspondant partagé par deux personnes ou plus qui a été hérité d'un ancêtre commun sans recombinaison intermédiaire.

Analyse des segments d'identité par descendance (IBD) (tableau 3.6) a mis en évidence que toutes les races à l'exception de Tazegzawth (TAZ), de la population conservée de Hamra (HAMAP) et de la population algérienne D'man (DMNA), étaient caractérisées par l'absence ou la quasi absence des segments des IBD. Il est intéressant de noter que Sidaoun (SDNA) était également caractérisé par un certain nombre de segments d'IBD proches de zéro.

Pour la race Hamra échantillonnée dans les fermes pilotes a présenté le nombre le plus élevé de segment d'IBD avec un nombre de 456 ce qui signifié un nombre de 50.66 d'IBD par individu, la taille moyenne de segment d'IBD enregistrée pour la HAMRAP était de 14,11Milloin bases, trouvé uniquement au sein de cette population.

Alors que la race Hamra des élevages privés et la race Beni Ghil de Maroc n'avis présentés aucun segment d'IBD dans cette étude.

Des analyses similaires effectuées par [225], [226] sur les races locales italiennes et les races d'Asie du Sud-Ouest mettant en évidence une relation claire entre la présence d'un mélange et une diminution, en nombre et en longueur, des segments des IBD [225], [226].

Tableau 3.6 : Analyse des segments des IBD (nombre et longueur).

Race	Nb. of animals	Nb. of IBD segments	Nb.of IBD segment/ Nb animals	% IBD segment intra-breed	% IBD segment inter-breed	Mean length (Etyp) Mb
HAMAP	9	456	50.66	100	0	14.11(11.14)
TZGA	5	245	49*	100	0	14.92 (9.87)*
DMNA	5	19	3.8*	100	0	14.06 (8.50)*
OLDA	6	1	0.17*	100	0	4.99 (-)*
SDNA	36	4	0.11	100	0	9.91 (5.19)
SRDM	24	1	0.04	100	0	8.45 (-)
TMHM	16	7	0.44	29	71	7.15 (1.78)
BERA	6	0	-	-	-	-
BIGM	6	0	-	-	-	-
BRBA	3	0	-	-	-	-
DMNM	17	0	-	-	-	-
HAMA	11	0	-	-	-	-
OLDM	8	0	-	-	-	-
RMBA	6	0	-	-	-	-

Nb, nombre ; Etyp, écart-type ; *valeurs données à titre indicatif, car la taille limitée des échantillons biaise les estimations moyennes.

3.2.6. Structure et diversité génétique par CHROMOPAINTER/ fineSTRUCTURE

La carte thermique de co-ancestry (figure 3.7) obtenue avec CHROMOPAINTER/ fineSTRUCTURE présente le nombre de morceaux génomiques (haploype) partagés (“chunks”) entre individus algériens et marocains. Comme l'ont recommandé par [227], les individus présentant les valeurs les plus élevées de la F_{is} ($>0,1$) ont été exclues de l'analyse. Sidaoun (SDNA) et D'Man algérien (DMNA) se sont regroupés et ont été séparés des autres populations sur la base d'haplotypes partagés.

Tazegzawth (TZGA) et Hamra conservé en Algérie (HAMAP) (avec un HAMA, c'est-à-dire le même individu qui a été identifié dans l'analyse Netview (figure 3.4) ont également été clairement individualisés montrant les animaux avec le plus grand nombre de morceaux génomiques partagés (“chunks”) du jeu de données, tandis que les autres races ont été clairement mêlées.

Examinons plus en détail le cas de Sidaoun (SDNA). Il s'avère que le nombre de morceaux partagés au sein de la race était relativement modéré mais que les morceaux étaient également petits (nombre moyen= 466.30, s.d.=11.13 et taille moyenne= 349.78, s.d.=6.16) car ils n'étaient pas détectés par la précédente analyse IBD (tableau 3.6).

A titre de comparaison, le nombre moyen de morceaux partagés au sein du HAMAP était de 490,93 (s.d.=105,46) avec une taille moyenne de 369,15 (s.d.=58,41) ; le HAMAP illustre le cas d'une race partageant un nombre relativement élevé de morceaux avec de grandes tailles.

En revanche, OLDLM, a montré un nombre moyen de morceaux partagés intra-races de 451,28 (s.d.=0,41) avec une taille moyenne de 338,45 (s.d.=0,10) ; HAMA, SRDM, DNMN et TMHM montrent des valeurs très similaires. Ces races ont illustré le profil de races partageant relativement peu de morceaux (“chunks”) courts

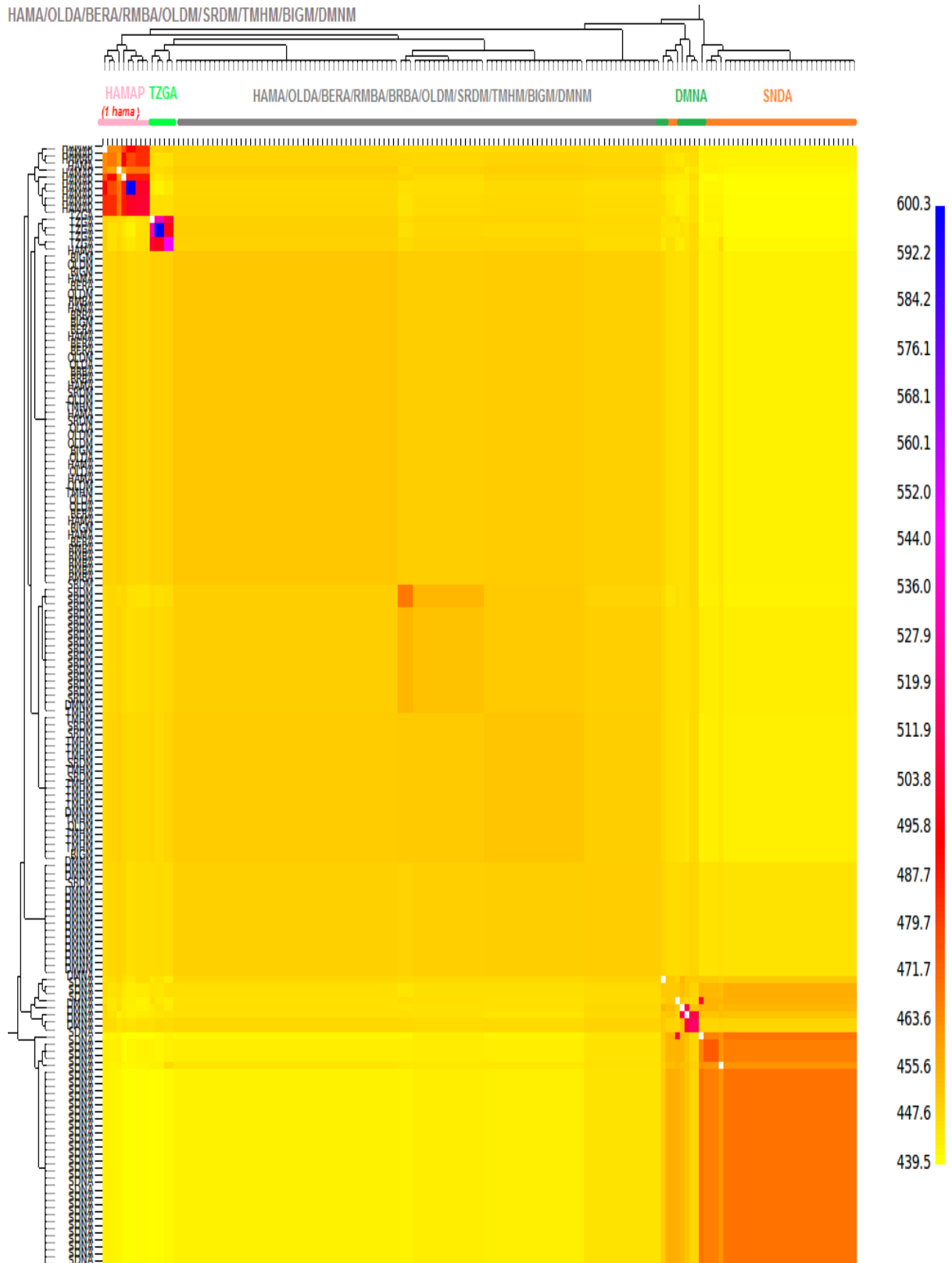


Figure 3.7. Clusters FineSTRUCTURE pour les races ovines algérienne et marocaine. La couleur de chaque cellule de la matrice indique le nombre de "morceaux génomiques" copiés d'un donneur (colonne) vers un individu receveur (ligne).

3.2.7. Analyse génétique spatiale PCA

Dans les analyses spatiales PCA utilisant la triangulation Delaunay comme réseaux de connexion, la prise en compte des valeurs propres a suggéré l'apparition possible d'une configuration spatiale, les trois premiers scores positifs étant distingués des autres valeurs propres (figure 3.8 b).

Le test de Monte Carlo global (10 000 itérations) a indiqué une structure spatiale globale significative (p-value=0,009). Le test de Mantel n'a montré aucune correspondance significative entre les distances géographiques et génétiques (p-value=0,07). En effet, malgré que le nord constituât un bloc largement homogène, les individus séparés par plus de 2000 km semblaient très proches d'un point de vue génétique.

Les vecteurs propres des trois premiers scores globaux ont été tracés par rapport aux coordonnées géographiques mettant en évidence une homogénéité claire d'un stock nordique (c'est-à-dire de moutons marocains et nord-algériens) à l'exception de la population de Hamra conservée dans des fermes pilotes (HAMAP) (figure 8 a). La spécificité génétique de Sidaoun (SDNA) et de Barbarine (BRBA) a été mise en évidence par la première composante (figure 3.8c) tandis que celle de Tazegzawth (TZGA) apparaît sur la seconde (figure 3.8 d).

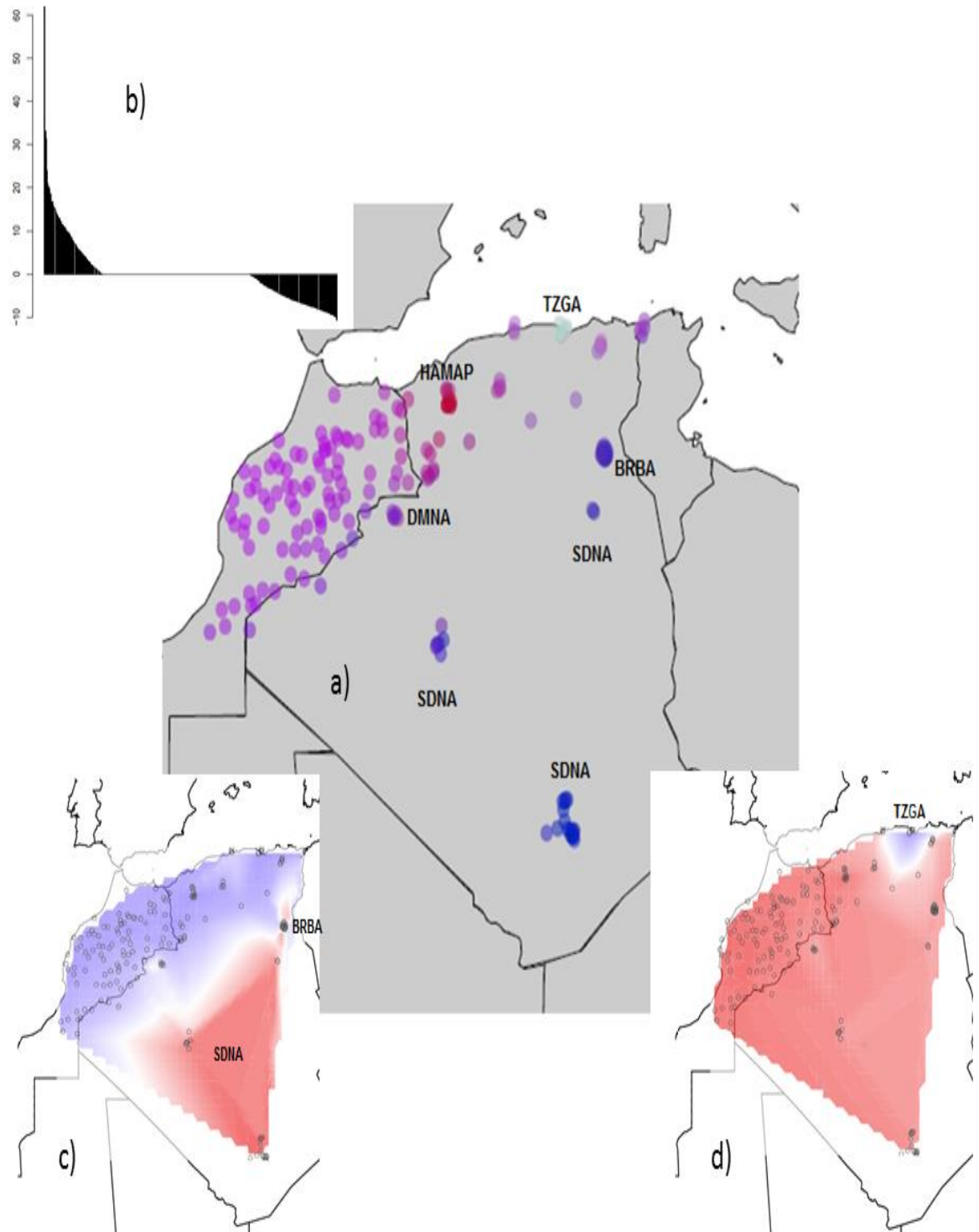


Figure 3.8. Analyses sPCA spatiale des races ovines algérienne et marocaine a) ; valeurs propres pour chaque axe global et local (les valeurs propres positives et négatives indiquent respectivement les structures globales et locales) b) ; premier score global du sPCA c) ; deuxième score global du sPCA d).

3.3. DISCUSSION

Cette étude permet d'évaluer la diversité génétique de plusieurs races ovines traditionnelles du Maghreb et donner une idée claire et actuelle sur la situation de la diversité génétique de la race Hamra au niveau local et maghrébin.

Pour l'échantillonnage de quelques races, seuls quelques échantillons étaient disponibles, ce qui n'a pas affecté la robustesse des résultats, étant donné que presque toutes les méthodes d'analyse utilisées étaient basées sur la considération individuelle (les très rares calculs basés sur des valeurs moyennes étaient donnés à titre indicatif dans le cas des petits échantillons). De plus, nous avons utilisé l'estimateur Weir & Cockerham F_{ST} pour quantifier la différenciation entre les races, puisque, contrairement à la distance de Reynolds, elle n'est pas biaisée de façon significative par une petite taille d'échantillon, pourvu que, comme dans notre cas, le nombre de marqueurs utilisés soit important [228], [229].

Toutes les analyses ont révélé un haut niveau d'homogénéisation génétique pour la plupart des races, quelle que soit leur origine. Plus spécifiquement, les races touchées par ce phénomène étaient Ouled-Djellal (populations du Maroc et d'Algérie), Timahdite, Sardi, Hamra/Beni Guil (populations du Maroc et des fermes privées algériennes, mais pas des fermes étatiques algériennes), D'Man (population du Maroc mais pas d'Algérie), Rembi et Berber.

Nous avons observé une forte tendance spatiale avec deux zones principales.

La première était la zone Nord, correspondant à l'ensemble du territoire du Maroc et à la partie Nord de l'Algérie délimitée au Sud par les zones steppiques algériennes. Cette zone paraissait homogène pour toutes les races précédemment évoquées à l'exception de deux races différenciées, à savoir le Hamra conservé dans des fermes pilotes (HAMAP) et le Tazegzawth des Montagnes Kabyles.

La deuxième zone était la zone sud, incluant les races du Sahara et du Grand Erg Oriental, à savoir Sidaoun et Barbarine ; cette zone semblait clairement différenciée de celle du Nord.

L'analyse par Chromopainter a montré que les races, du groupe homogène mentionné ci-dessus, se sont regroupées et ont partagé très peu de petits morceaux

généétiques (haplotypes). Les caractéristiques de ROH, utilisées comme source d'information sur l'histoire démographique des races [78], [212], [222] ont donné des conclusions similaires.

En effet, la plupart des races précédemment mentionnées se caractérisent par un faible nombre de ROHs. En particulier, quatre d'entre eux, Rembi, Ouled-Djellal d'Algérie et Beni Guil du Maroc et Hamra des fermes privées algériennes, étaient caractérisés par la quasi absence de ROH, indiquant clairement le mélange [79], [223].

De plus, ces races étaient caractérisées par très peu ou pas de segments d'IBD, ce qui s'est avéré être aussi une signature d'homogénéisation génétique [225], [230]. En effet, il semble probable qu'un mélange fort et continu, chez les petits ruminants (caractérisé par un temps de génération relativement court), brise les blocs génomiques contigus, ce qui donne de très petits haplotypes.

Parmi les races génétiquement différenciées, la race Sidaoun, élevé par des Touaregs, ne semblait pas affecté par la consanguinité. Elle a été génétiquement différencié des autres races étudiées (comme le montrent par exemple les analyses de sPCA, de mélange ou de F_{ST}), mais il aurait connu un niveau significatif de mélange avec des races ou populations non considérées dans cette étude comme le suggèrent les analyses des segments Chromopainter et IBD, ce qui révèle un profil très particulier pour cette race avec un grand nombre de segments communs mais caractérisé par une taille réduite, d'autres recherches seront nécessaires, par exemple sur la relation génétique avec le cheptel ovin malien, qui est censé être le berceau de la race Sidaoun.

La race transfrontalière, Hamra/Beni Guil, a été échantillonnée au Maroc et en Algérie, tant dans des fermes pilotes responsables de sa conservation que dans des fermes privées. L'étude de cette race à travers ces différentes populations a été particulièrement instructive, parmi les trois sites échantillonnés, seuls les ovins élevés dans les fermes pilotes algériennes ne semblaient pas génétiquement dilués (avec également un individu échantillonné dans une ferme privée algérienne). La principale ferme d'Etat en charge de la préservation de Hamra en Algérie (ferme d'ITELV d'Ain Hadjar à Saida) a regroupé son troupeau initial à la fin des années

1980. Ensuite, quelques géniteurs soigneusement sélectionnés provenant de fermes privées ont été introduits à l'occasion dans le noyau initial, au fil des années. De plus, un programme de reproduction strict a été planifié pour prévenir la consanguinité. Tous les résultats génétiques étaient conformes aux pratiques de gestion signalées pour la ferme pilote, car ils indiquaient ce qui suit montrer : un profil de tailles de ROH courtes à intermédiaires, qui est spécifique d'une population isolée mais basé sur une population source de taille significative [212], [222], et n'est pas un modèle qui indique un fort effet de goulot d'étranglement et Une faible abondance de ROH longs suggérant des pratiques de gestion évitant la consanguinité.

Ces résultats postulent que la nette différenciation génétique observée entre Hamra des fermes d'Etat algériennes et Hamra des fermes privées algériennes ou marocaines peut difficilement être attribuée à un effet de goulot d'étranglement (d'autant plus qu'un individu échantillonné dans une ferme privée algérienne présentait une caractéristique génétique si proche de celle trouvée dans la ferme pilote que celle-ci s'y est regroupée).

Tenant compte de tous ces éléments, Nous pouvons supposer que la dilution de Hamra s'est produite principalement au cours des 30 dernières années ; en effet, les fermes d'État pilotes ont été créées à cette époque, mais elles ont visiblement permis de préserver au moins une partie de la spécificité génétique de la race, même si l'effet fondateur de la création de l'exploitation a indubitablement conduit à une réduction de la diversité génétique.

Cette hypothèse est largement soutenue par les différentes études anthropologiques qui ont montré au cours des dernières décennies une intensification significative des pratiques de croisement entre Ouled-Djellal et cette race dans les fermes privées : BECHCHARI et al 2013 [231] décrit un "phénomène d'invasion" caractérisé par un nombre croissant d'Ouled-Djellal dans les troupeaux de Beni Ghil . Selon les entrevues menées par BECHCHARI, il semble que l'expansion de Ouled-Djellal résulterait principalement de la sédentarisation et de l'intensification de l'agriculture, c'est-à-dire que les éleveurs sous pression croissante pour améliorer leur productivité favorisent Ouled-Djellal pour sa valeur marchande. Ces résultats ont été confirmés par Brisebarre (2009) [232] qui a

d'ailleurs signalé des afflux massifs d'Ouled-Djellal en provenance d'Algérie d'où il provient. On estime qu'entre 200 000 et 500 000 têtes de Ouled-Djellal entrent illégalement au Maroc chaque année [232].

Si l'on consulte les archives historiques, nous apprenons qu'il est reconnu depuis longtemps que la race Hamra est une race ancienne, appartenant à une race transmise de génération en génération au sein d'une tribu, et que cette pratique provient probablement du peuple Zénète. Ce isolement géographique de la race est également lié aux caractéristiques géologiques spécifiques du plateau d'Oran où elle vit [11].

La forte adaptation locale de cette race, en termes de climat, de végétation et de résistance aux maladies, a déjà été signalée en 1891, dans un rapport commandé par le Gouverneur général d'Algérie (Mathieu and Trabut 1891) qui a conclu que l'introduction d'autres races sur ce territoire et les croisements induits mettraient en péril la capacité de survie de Hamra. Aujourd'hui, la principale ferme pilote (ITELV de Saida) en charge de sa conservation conserve 600 moutons, soit moins de 1% du nombre total des têtes de Hamra en Algérie [8].

Par ailleurs, on notera que cette race, appelée "Le petit Oranais" par les colons, était particulièrement appréciée en France pour ses qualités organoleptiques et sa conformation. Cette race ovine a donc été particulièrement touchée par les activités d'exportation de moutons en Algérie, avec les animaux transportés vivants par bateau. A la fin du 19ème siècle, on estime que ce commerce, de l'Algérie à la France [234], concernait plus d'un million de têtes d'ovins par an (tous les pays de races considérées).

Notre étude n'a pas identifié de zone préservée de la race Beni Ghil d'un point de vue génétique. Cependant, il faut souligner que le plan d'échantillonnage au Maroc ne s'est pas focalisé sur le berceau des races et les fermes étatiques, contrairement à l'échantillonnage algérien.

Si l'on se réfère aux archives historiques, il apparaît que la période coloniale a probablement largement contribué à l'expansion de l'Ouled-Djellal. En effet, à la fin du XIXe siècle, les études commandées par le gouvernement colonial ont conclu que la race blanche (Ouled Djellal appellation actuelle) des steppes était la race

sur laquelle tous les efforts devaient se concentrer [235], [236]. L'objectif des colons était d'augmenter significativement le nombre de moutons en promouvant cette race par divers moyens (travaux d'irrigation des steppes, création de fermes " modèles ", etc.) avec des directives conseillant explicitement d'éliminer les races jugées inutiles et de mauvaise qualité (les races berbère et barbarine sont celles qui ont été les plus touchées par ces lignes directrices).

Les races maghrébines sont représentatives des races traditionnelles, pierre angulaire de l'économie rurale dont dépendent les petits exploitants agricoles et les éleveurs du monde entier. Contrairement, par exemple, aux races européennes, elles n'ont pas été normalisées sur la base de caractères à fixer, au cours du XXe siècle. Elles pourraient être qualifiées de races terrestres, représentant un stade initial de développement de la race, avec une spécificité génétique résultant principalement de la combinaison des effets fondateurs, de l'isolement et de la sélection naturelle. Comme le soulignent SPONENBERG (2007) [237], l'isolement, résultant de la situation géographique mais aussi des pratiques sociales (par exemple l'organisation des tribus) et des contextes politiques, représente un facteur clé pour le développement et la préservation de l'intégrité génétique des races de terre .

Dans notre zone d'étude, cet isolement a été perturbé, induisant l'homogénéisation génétique observée chez la plupart des races ovines maghrébines. Au cours des dernières décennies, le transport motorisé a certainement joué un rôle important dans l'augmentation du flux génétique à longue distance.

Nous manquons encore d'informations sur l'ampleur à laquelle ce phénomène d'homogénéisation pourrait se produire dans le monde. Cependant, l'observation d'un tel phénomène remet clairement en cause l'intégrité des ressources génomiques des animaux d'élevage représentées par ces races locales, dont la conservation est un enjeu critique pour le développement de l'élevage dans un contexte de changement global [238].

CONCLUSION

Notre étude met en évidence une forte homogénéisation du cheptel ovin maghrébin affectant le Maroc et la majeure partie du nord de l'Algérie.

La focalisation sur les résultats la diversité de la race Hamra en Algérie (fermes pilotes et fermes privées), appelée Beni Ghil au Maroc, nous permet de conclure que ;

Le coefficient de consanguinité F_{IS} était faible pour les trois populations et que la majorité des individus ont montrés un index de fixation négatif.

Indice de diversification F_{ST} par paire montre une distance modérée entre la race Hamra des fermes pilotes et les deux autres population (race Hamra des ferme Privées en Algérie et race Beni Ghil de Maroc).

Les différentes analyses de la structure et de la diversité génique, de ces trois population, effectués par l'ensemble des logiciel comme Admixture, NetView et Chromppainter/ finestructure, ainsi que l'analyse génétique spatiale PCA, ROH et IBD , ont montré que les individus des fermes privés en Algérie et ceux de Beni Ghil du Maroc appartient aux groupe homogène, alors que les individus des fermes pilotes ne sont pas mélangés et préservent au moins une partie de la spécificité génétique de la race

Les profils de ROH des individus des fermes pilote (profil de tailles et de nombre de ROH courtes à intermédiaires) ainsi que le nombre et la taille des IBD observés chez cette race, les qualifier comme une race de population isolée mais basé sur une population source de taille importante avec des pratiques de gestion évitant la consanguinité.

CONCLUSION GENERALE ET PERSPECTIVES

A l'issue de notre travail qui a permis une fine et actuelle caractérisation phénotypique de la race Hamra au niveau de la station ITELV de Saïda, ainsi qu'une caractérisation génotypique de trois populations maghrébines de cette race grâce à l'outil moléculaire (puce de génotypage d'ADN 50 K), nous pouvons sortir les conclusions suivantes :

Premièrement, la caractérisation morphométrique ;

Les mesures multiples (21 variables quantitatives et 15 variables qualitatives) ont permis une caractérisation fine et actuelle de la race Hamra.

Pour les paramètres quantitatifs, nous avons observé une différence hautement significative entre les béliers et les brebis, et cela pour l'ensemble des paramètres étudiés.

Selon les traits partagés par la majorité des individus dans notre étude, la race Hamra peut être décrite comme suit :

- C'est une race à viande, eumétrique avec un poids vif moyen de 43.15 kg chez la femelle,
- Le dos droit caractérisé par une hauteur au garrot supérieure à la hauteur prise au niveau de la croupe,
- Les cornes spiralées présentes souvent chez les mâles et absentes généralement chez les femelles,
- Les oreilles petites et sont couramment semi-horizontales,
- La queue de texture fine et petite s'arrête au-dessus ou au niveau du jarret,
- La couleur de la toison blanche dont l'étendue est semi-envahissante avec la tête, le cou et les membres dégagés de couleur acajou foncé

Deuxièmement, le paramètres de reproduction ;

Nos résultats permettent d'apporter un éclairage nouveau sur la part relative de chaque facteur étudié, la fertilité, prolificité, fécondité et le taux de mortalité des agneaux de la race Hamra

Le taux fertilité enregistré était moyen et doit attirer l'attention des responsables de la ferme et faire l'objet de son amélioration.

Le taux de mortalité des agneaux dans cette étude était élevé et sa réduction à un niveau de 4 à 5 % devrait être la priorité numéro un.

Le mode de naissance était le premier facteur à risque de la mortalité des agneaux entre la naissance et le sevrage.

Troisièmement, paramètres de production ;

Performances satisfaisantes comparées à celles obtenues ailleurs sur la même race.

Sur la base de l'ensemble des corrélations des performances de croissance, il apparaît que le poids à la naissance, P 70, GMQ 0-30 et GMQ 0-9 peuvent servir comme critère de sélection pour mieux valoriser le potentiel génétique de la race Hamra.

GLM → l'ensemble des facteurs étudiés sur le poids à la naissance avec une ordre d'importance ;

PN : mode de naissance, poids des mères à la lutte, l'année, sexe d'agneau, âge de la mère et le mois de naissance

GMQ 0-90 : année, mode de naissance, poids de la mères, sexe d'agneau, âge de la mère et le poids à la naissance des agneaux.

En fin, pour le volet de la caractérisation génétique ;

Cette étude permet d'évaluer la diversité génétique de plusieurs races ovines du Maghreb et donner une idée claire et actuelle sur la situation de la diversité génétique de des races ovines maghrébin.

Toutes les analyses (PLINK, Admixture, NetView, Chrompainter/ finestructure, sPCA,) ont révélé un haut niveau d'homogénéisation génétique pour la plupart des races, quelle que soit leur origine.

Les races touchées par ce phénomène étaient : Ouled-Djellal (populations du Maroc et d'Algérie), Timahdite, Sardi, Hamra des fermes privées algériennes, Beni Guil populations du Maroc, D'Man (population du Maroc), Rembi et Berber.

La focalisation sur les résultats la diversité de la race Hamra en Algérie (fermes pilotes et fermes privées), appelée Beni Ghil au Maroc, nous permet de conclure que :

Le coefficient de consanguinité F_{IS} était faible pour les trois populations et que la majorité des individus ont montrés un index de fixation négatif.

Indice de diversification F_{ST} par paire montre une distance modérée entre la race Hamra des fermes pilotes et les deux autres population (race Hamra des ferme Privées en Algérie et race Beni Ghil de Maroc).

Les différentes analyses de la structure et de la diversité génique, de ces trois populations, ont montré que : Les individus des fermes privés en Algérie (**HAMA**) et ceux de Beni Ghil du Maroc (**BIGM**) appartient aux **groupes homogènes**, Alors que les individus des fermes pilotes (**HAMAP**) ne sont pas mélangés et préservent au moins une partie de la spécificité génétique de la race

Le profil des **ROHs** des individus des fermes pilote (profil de tailles et de nombre de ROH courtes à intermédiaires) le qualifier comme une race de population isolée mais basé sur une population source de taille importante avec des pratiques de gestion évitant la consanguinité.

Perspectives et recommandations ;

Les résultats de notre étude confirment le haut risque d'extinction de la race Hamra en Algérie. Cette race ne se trouve en état pure qu'au niveau des fermes étatiques, principalement dans la ferme ITELV de Saïda.

Donc cette dernière doit constituer le noyau central de la conservation de cette race pour augmenter le nombre de cheptel de la race Hamra pure avec l'introduction probable des individus issues de fermes privés confirmés génétiquement d'être pure.

La réussite de ce programme de conservation doit référer, en plus de la bonne gestion alimentaire et sanitaire, surtout à l'utilisation des techniques de biotechnologies liées à la reproduction, en s'appuyant sur les axes suivants ;

L'emploi de techniques de synchronisations des chaleurs et superovulations pour une exploitation optimale de stock ovarien des brebis pure.

La pratique d'insémination artificiel par la semence issue des béliers de race pure confirmés génétiquement ; si possible d'utiliser l'insémination intra-utérine par endoscopie pour augmenter le taux de gestation.

Le recours au transfert embryonnaire sera une méthode de choix pour multiplier la chance d'avoir des agneaux de la race Hamra pure portés par des brebis de autres races.

La création d'une grande banque génétique de la race Hamra par la congélation de la semence, des ovocytes ainsi que les embryons doit être envisager pour assurer la préservation de la race.

APPENDICE

A. Liste des symboles

ADN : Acide Désoxyribonucléique

ADNmt : Acide Désoxyribonucléique mitochondriale

AFLP : amplification fragment length polymorphism

AIC : Akaike Information Criterion

AMOVA : l'analyse de variance moléculaire

ASD : allel sharing by distance

BCS : body condition score

BERA : Berbère Algérie

BIGM : Beni Ghil Maroc

BRBA : Barbarine Algérie

CNIAAG : centre national d'insémination artificiel et amélioration génétique

Couleur de la toison : cTois

Couleur de membres antérieurs : cmbran

Couleur de membres postérieurs : cmbrpo

Couleur du cou : cCou

cTet : Couleur de la tête

CV : coefficient de variation

DST : diversité inter population

Ecr : Etat des cornes

EDTA : éthylène-Diamine-tétra-Acétique

EHW : Equilibre Hardy-Weinberg

EQe : Etendue de la queue

ESM : erreur standard moyenne

Eto : Etendue de la toison

FAO : Organisation des nations unies pour l'alimentation et l'agriculture

FCr : Forme des cornes

FDs : Forme de dos
FEn : Forme de l'encolure
FIS : indice de fixation
FIT : indice de différenciation des Individus par rapport au Total
FOr : Forme des oreilles
FRLP : polymorphisme de longueur des fragments de restriction
FROH : coefficient de consanguinité par rapport au ROH
FST : indice de diversification
G : gramme
GLM : modélisation linière généralisée
GMQ : gain moyen quotidien
GST : coefficient de différenciation génétique
HAMA : Hamra Algérie fermes privées
HAMAP : Hamra Algérie fermes pilotes
HD : Hauteur au dos
He : hétérozygotie espérée
He : l'hétérozygotie attendue
HG : Hauteur au garrot
Ho : hétérozygotie observée
Ho : hétérozygotie observée
HS : diversité génique intra population
HS : Hauteur au sacrum
HT : diversité génétique totale
IBD : segments d'identité par descendance
ITELV : l'Institut Technique des Elevages
J : jour
Kb : kilo bases
Kg : kilogramme
LB : Longueur du bassin
LC : Longueur du cou

LO : Longueur des oreilles
LQ : Longueur de la queue
LrH : Largeur des hanches
Lrl : Largeur au niveau des ischions
LrO : Largeur des oreilles
LrP : Largeur de la poitrine
LrPext : Largeur externe du poitrail
LrPint : Largeur interne du poitrail
LrT : Largeur de la tête
LT : Longueur de la tête
LTr : Longueur du tronc
LTtot : Longueur totale du corps
M : moi de naissance des agneaux
mac : age de la mère par classe
Mb : million bases
Mn : mode de naissance
Na : nombre d'allèles
OLDA : Ouled-Djellal Algérie
OLDM : Ouled-Djellal Maroc
OR : odds ratio
P : poids
Pb : paires de base
PCA: L'analyse spatiale des composantes principales
PCh : Profil du chanfrein
PCR : amplification en chaîne par polyméras
Pds : Poids
Pmc : poids de la mère par classe
Pnc : poids à la naissance des agneaux par classe
PP : Profondeur de la poitrine
QTL : quantitative trait loci

RAPD : random amplified polymorphic DNA

RMBA : Rembi Algérie

ROH : cycles d'homozygotie

s.d ; standard deviation

SDNA : Sidaoun Algérie

SNP : Single Nucleotide Polymorphism

SRDM : Sardi Maroc

SSR : répétitions de séquences simples

STR : séquences répétées en tandem

TC : Tour du canon

TMHM : Timahdite Maroc

TMN : taux de mortalité à la naissance

TMNS : taux de mortalité entre la naissance et le sevrage

TMS : taux de mortalité au sevrage

TP : Tour de poitrine

txqe :Texture de la queue

WGS : whole genome sequencing

B. REFERENCES

- [1] FAO, *Phenotypic characterization of animal genetic resources*, V. No 11. Rome, 2012, 2012.
- [2] Chellig, R., *Les races ovines Algériennes*. Alger, 1992, 1992.
- [3] Boujenane, I., Ait Bihi, N., and A., A. B., “Amélioration génétique des ovins au Maroc.In: Gabiña D. (ed.). *Strategies for sheep and goat breeding.*,” *Zaragoza : CIHEAM Options Méditerranéennes*, V. (Cahiers O, (1995), 109–119.
- [4] Site, 1, “<http://www.fao.org/faostat/fr/#data/QA>.” .
- [5] FAO, *Characterization and value addition to local breeds and their products in the near east and north africa*, n° November, 2012. 2014, 2014.
- [6] Harkat, S., Laoun, A., Belabdi, I., Benali, R., Outayeb, D., Payet-Duprat, N., Blanquet, V., Lafri, M., and Da Silva, A., “Assessing patterns of genetic admixture between sheep breeds: Case study in Algeria,” *Ecology and Evolution*, V. 7, n° 16, (2017), .
- [7] Gaouar, S. B. S., Da Silva, A., Ciani, E., Kdidi, S., Aouissat, M., Dhimi, L., Lafri, M., Maftah, A., and Mehtar, N., “Admixture and Local Breed Marginalization Threaten Algerian Sheep Diversity,” *PLoS ONE*, V. 10, n° 4, (2015), 1–13.
- [8] Feliachi, K., “Rapport National sur les Ressources Génétiques Animales : Algérie,” (2003), 45.
- [9] Lamrani, F., Chadane, F., Bekkar, Z., LAADJOUZI, Z., ZOUDJI, D., BENBOUABDELLAH, N., Bennani, Z., ABDELAAZIZ, A., and Kassoul, A.,

- “Standard de la race Hamra .PN.NA 15468,” *institut Algérien de Normalisation IANOR*, V. édition :, n° ICS : 65 120, (2007), 6.
- [10] Meradi, S., Moustari, A., Chekal, F., Benguigua, Z., Ziad, M., Mansori, F., and Belhamra, M., “SITUATION DE LA POPULATION OVINE " LA RACE EL HAMRA ",” (2012), 28–38.
- [11] Sagne, J., *L’Algérie pastorale, ses origines, sa formation, son passé, son présent, son avenir*. Préface de Pierre Jore d’Arces. Alger, Imprimerie Fontana, 1950, 1950.
- [12] Abdelkader, A. A., Ata, N., Benyoucef, M. T., Djaout, A., Azzi, N., Yilmaz, O., Cemal, İ., and Gaouar, S. B. S., “New genetic identification and characterisation of 12 Algerian sheep breeds by microsatellite markers,” *Italian Journal of Animal Science*, V. 17, n° 1, (2018), 38–48.
- [13] FAO, *Molecular genetic characterization of animal genetic resources*. 2011, 2011.
- [14] FAO, *Caractérisation phénotypique des ressources génétiques animales*. 2013, 2013.
- [15] Salako, A. E., “Application of Morphological Indices in the Assessment of Type and Function in Sheep,” *International Journal of Morphology*, V. 24, n° 1, (2006), .
- [16] Hubert-Vincent, F., “Diversité génétique et adaptation des espèces aquatiques en milieu anthropisé,” *Synthèse de rapport d’activité de l’Institut Français de Recherche pour l’exploitation de la Mer (IFREMER)*, (2007), .
- [17] Benjelloun, B., “Diversité des génomes et adaptation locale des petits ruminants d’un pays méditerranéen: le Maroc.” 2015, 2015.
- [18] Black IV, W. C., Baer, C. F., Antolin, M. F., and DuTeau, N. M., “Population genomics: genome-wide sampling of insect populations,” *Annual review of entomology*, V. 46, n° 1, (2001), 441–469.
- [19] Elena, S., and Lenski, R. E., “Evolution experiments with microorganisms:

- the dynamics and genetic bases of adaptation,” *Nature Rev. Genet*, V. 4, (2003), 457.
- [20] Kawecki, T. J., and Ebert, D., “Conceptual issues in local adaptation,” *Ecology letters*, V. 7, n° 12, (2004), 1225–1241.
- [21] Hamrick, J. L., Murawski, D. A., and Nason, J. D., “The influence of seed dispersal mechanisms on the genetic structure of tropical tree populations,” *Vegetatio*, V. 107, n° 1, (1993), 281–297.
- [22] Montaigne, W., “Diversité génétique et adaptation au milieu chez les arbres forestiers tropicaux: étude chez le genre *Virola* (Myristicaceae). Université d’Antilles-Guyane.” Antilles-Guyane, 2011178, 2011.
- [23] Franks, S. J., and Hoffmann, A. A., “Genetics of climate change adaptation,” *Annual review of genetics*, V. 46, (2012), .
- [24] Thaler, L., “L’espèce: type ou population?’, Sauve qui peut!” 199810, 1998.
- [25] Mayr, E., *Systematics and the origin of species, from the viewpoint of a zoologist*. Harvard University Press, 1999, 1999.
- [26] Campbell, N. A., and Reece, J. B., *Biología*. Ed. Médica Panamericana, 2007, 2007.
- [27] Verrier, E., MOUREAUX, S., Boichard, D., DANCHIN-BURGE, C., and AVON, L., “Gérer la variabilité génétique des populations d’élevage: l’exemple des races bovines françaises, depuis les races en conservation jusqu’aux races nationales et internationales.” *6ème Carrefour des Productions Animales, Gembloux, INC, 2001-01-24-*, (2001), 43–51.
- [28] Fotsa, J.-C., “Caractérisation des populations de poules locales (*Gallus gallus*) au Cameroun.” Paris, AgroParisTech, 2008, 2008.
- [29] Lauvergne, J. J., “Genética en poblaciones animales después de la domesticación, consecuencias para la conservación de las razas,” in *Proceedings of the 2nd World Congress on Genetics applied to Livestock Production, Madrid, 1982*, V. 6, 198277–78.

- [30] Audiot, A., *Races d'hier pour l'élevage de demain*. Editions Quae, 1995, 1995.
- [31] Tixier-Boichard, M., "Evolution du concept de ressources génétiques animales," *Les ressources génétiques à l'orée des temps nouveaux*, (2006), 20–21.
- [32] Verrier, X., Étienne,, Laloe, D., and de Rochambeau, H. R., "Les outils et méthodes de la génétique pour la caractérisation, le suivi et la gestion de la variabilité des populations animales," *Ethnozootecnie*, n° 76, (2005), 67–82.
- [33] Hanotte, O., and Jianlin, H., "Genetic characterization of livestock populations and its use in conservation decision-making," *The Role of Biotechnology in Exploring and Protecting Agricultural Genetic Resources. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome*, (2006), 89–96.
- [34] Lenstra, J. A., Groeneveld, L. F., Eding, H., Kantanen, J., Williams, J. L., Taberlet, P., Nicolazzi, E. L., Sölkner, J., Simianer, H., and Ciani, E., "Molecular tools and analytical approaches for the characterization of farm animal genetic diversity," *Animal Genetics*, V. 43, n° 5, (2012), 483–502.
- [35] Dajoz, R., *L'évolution biologique au XXIe siècle: les faits, les théories*. Lavoisier, 2012, 2012.
- [36] Jussiau, R., Montmeas, L., and Papet, A., "Amélioration génétique des animaux d'élevage. Bases scientifiques, sélection et croisements; Educagri," *ETHNOZOOTECHNIE*, V. 79, (2006), 160.
- [37] Mazières, S., "Le peuplement amérindien de la Guyane française: apport des marqueurs moléculaires," (2006), .
- [38] Harry, M., "Science Fondamentale, Maloine, Paris, seconde édition, 465p.(11 chapitre," (2008), .
- [39] Boursot, P., and Bonhomme, F., "Génétique et évolution du génome

- mitochondrial des Métazoaires,” *Génétique, sélection, évolution*, V. 18, n° 1, (1986), 73.
- [40] Quintana-Murci, L., Veitia, R., Santachiara-Benerecetti, S., McElreavey, K., Fellous, M., and Bourgeron, T., “L’ADN mitochondrial, le chromosome Y et l’histoire des populations humaines.” (1999), .
- [41] Hellborg, L., “Evolutionary studies of the mammalian Y chromosome.” *Acta Universitatis Upsaliensis*, 2004, 2004.
- [42] Li, R., “Forensic Biology: Identification and DNA Analysis of Biological Evidence Couverture. CRC Press, ISBN:1420043447, 9781420043440, 448 pages,” (2008), .
- [43] Ellegren, H., “Microsatellites: simple sequences with complex evolution,” *Nature reviews genetics*, V. 5, n° 6, (2004), 435.
- [44] Pereira, F., Queiro, S., Gusma, L., Nijman, J., Cuppen, E., Lenstra, A., Consortium, E., Davis, S. J. M., and Nejmeddine, F., “Tracing the History of Goat Pastoralism : New Clues from Mitochondrial and Y Chromosome DNA in North Africa,” n° Zeder, (2008), .
- [45] Vignal, A., Milan, D., SanCristobal, M., and Eggen, A., “A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics,” *Genetics Selection Evolution*, V. 34, n° 3, (2002), 275.
- [46] Schibler, L., Vaiman, D., and Cribiu, E. P., “The origin of DNA polymorphism,” *Productions Animales*, n° Hors Serie, (2000), 37–43.
- [47] Li, Y., Korol, A. B., Fahima, T., Beiles, A., and Nevo, E., “Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review,” *Molecular ecology*, V. 11, n° 12, (2002), 2453–2465.
- [48] Beuzen, N. D., Stear, M. J., and Chang, K. C., “Molecular markers and their use in animal breeding,” *The Veterinary Journal*, V. 160, n° 1, (2000), 42–52.
- [49] Selkoe, K. A., and Toonen, R. J., “Microsatellites for ecologists: a practical guide to using and evaluating microsatellite markers,” *Ecology letters*, V. 9,

- n° 5, (2006), 615–629.
- [50] Gibson, G., and Muse, S. V, *Précis de génomique*. De Boeck Supérieur, 2004, 2004.
- [51] Tagu, D., and Moussard, C., *Principes des techniques de biologie moléculaire: 2e édition, revue et augmentée*. Editions Quae, 2006, 2006.
- [52] Johnson, G. B.,, Mason, K. A.,, Losos, J. B.,, Singer, S. R.,, Raven, P. H.,, Mason, K. A.,, Losos, J. B.,, Singer, S. R.,, Raven, P. H., and Johnson, G. B., “Coelomate Invertebrates,” *Biology*. 9th ed. New York: McGraw-Hill, (2011), 666–692.
- [53] Guerra, R., and Yu, Z., “Single nucleotide polymorphisms and their applications,” in *Computational and Statistical Approaches to Genomics*, Springer, 2006, 2006311–349.
- [54] Syvänen, A.-C., “Assessing genetic variation: genotyping single nucleotide polymorphisms,” *Nature Reviews Genetics*, V. 2, n° 12, (2001), 930.
- [55] Morin;, Luikart;, G., K., R.,, A, W., and Group, ; the SNP workshop, “SNPs in ecology, evolution and conservation,” *Trends in Ecology & Evolution*, V. 19, n° 4, (2004), 208–216.
- [56] Waples, R. S., “Genetic methods for estimating the effective size of cetacean populations,” *Report of the International Whaling Commission (special issue)*, V. 13, (1991), 279–300.
- [57] Pariset, L.,, Cappuccio, I.,, Marsan, P. A.,, Dunner, S.,, Luikart, G.,, England, P. R.,, Obexer-Ruff, G.,, Peter, C.,, Marletta, D., and Pilla, F., “Assessment of population structure by single nucleotide polymorphisms (SNPs) in goat breeds,” *Journal of Chromatography B*, V. 833, n° 1, (2006), 117–120.
- [58] Schork, N. J.,, Fallin, D., and Lanchbury, J. S., “Single nucleotide polymorphisms and the future of genetic epidemiology,” *Clinical genetics*, V. 58, n° 4, (2000), 250–264.
- [59] Brookes, A. J., “The essence of SNPs,” *Gene*, V. 234, n° 2, (1999), 177–

186.

- [60] Vos, P., and Kuiper, M., "AFLP analysis (In: DNA markers: protocols, applications and overviews, Eds: G. Caetano-Anolles, PM Gresshoff)–J." Wiley & Sons, inc., New York, 1997, 1997.
- [61] Mueller, U. G., and Wolfenbarger, L. L., "AFLP genotyping and fingerprinting," *Trends in ecology & evolution*, V. 14, n° 10, (1999), 389–394.
- [62] Savelkoul, P. H. M., Aarts, H. J. M., De Haas, J., Dijkshoorn, L., Duim, B., Otsen, M., Rademaker, J. L. W., Schouls, L., and Lenstra, J. A., "Amplified-fragment length polymorphism analysis: the state of an art," *Journal of clinical microbiology*, V. 37, n° 10, (1999), 3083–3091.
- [63] CTP, "Conduite technique de la pomme de terre." 4–5.
- [64] Cheung, K.-H., Osier, M. V., Kidd, J. R., Pakstis, A. J., Miller, P. L., and Kidd, K. K., "ALFRED: an allele frequency database for diverse populations and DNA polymorphisms," *Nucleic acids research*, V. 28, n° 1, (2000), 361–363.
- [65] Berg, E. E., and Hamrick, J. L., "Quantification of genetic diversity at allozyme loci," *Canadian Journal of Forest Research*, V. 27, n° 3, (1997), 415–424.
- [66] Huret, J.-L., Ahmad, M., Arsaban, M., Bernheim, A., Cigna, J., Desangles, F., Guignard, J.-C., Jacquemot-Perbal, M.-C., Labarussias, M., and Leberre, V., "Atlas of genetics and cytogenetics in oncology and haematology in 2013," *Nucleic acids research*, V. 41, n° D1, (2012), D920–D924.
- [67] Toro, M. A., and Caballero, A., "Characterization and conservation of genetic diversity in subdivided populations," *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, V. 360, n° 1459, (2005), 1367–1378.
- [68] Nei, M., "Analysis of gene diversity in subdivided populations," *Proceedings of the National Academy of Sciences*, V. 70, n° 12, (1973), 3321–3323.

- [69] Boettcher, P. J., Tixier-Boichard, M., Toro, M. A., Simianer, H., Eding, H., Gandini, G., Joost, S., Garcia, D., Colli, L., and Ajmone-Marsan, P., “Objectives, criteria and methods for using molecular genetic data in priority setting for conservation of animal genetic resources,” *Animal Genetics*, (2010), .
- [70] Leroy, G., “Genetic diversity and breed management in dogs.” 2008, 2008.
- [71] González-Candelas, F., and Palacios, C., “Analyzing molecular data for studies of genetic diversity,” in *Ayad WG, Hodgkin T, Jaradat A. Rao VR (eds) Molecular genetic techniques for plant genetic resources. Report of an IPGRI Workshop, 1995, 19959–11.*
- [72] Nei, M., “Genetic distance between populations,” *The American Naturalist*, V. 106, n° 949, (1972), 283–292.
- [73] Reynolds, J., Weir, B. S., and Cockerham, C. C., “Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance,” *Genetics*, V. 105, n° 3, (1983), 767–779.
- [74] Neuditschko, M., Khatkar, M. S., and Raadsma, H. W., “NetView: A High-Definition Network-Visualization Approach to Detect Fine-Scale Population Structures from Genome-Wide Patterns of Variation,” *PLoS ONE*, V. 7, n° 10, (2012), .
- [75] Alexander, D. H., Novembre, J., and Lange, K., “Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals,” *Genome Research*, V. 19, n° 9, (Sep. 2009), 1655–1664.
- [76] Lawson, D. J., Hellenthal, G., Myers, S., and Falush, D., “Inference of population structure using dense haplotype data,” *PLoS Genetics*, V. 8, n° 1, (2012), 11–17.
- [77] Upton, G. ., and Fingleton, B., “Spatial data analysis by example, volume 1: Point pattern and quantitative data. Wiley, Toronto Singapore, Brisbane, New York, Chichester,” (1985), .

- [78] Bosse, M., Megens, H. J., Madsen, O., Paudel, Y., Frantz, L. A. F., Schook, L. B., Crooijmans, R. P. M. A., and Groenen, M. A. M., "Regions of Homozygosity in the Porcine Genome: Consequence of Demography and the Recombination Landscape," *PLoS Genetics*, V. 8, n° 11, (2012), .
- [79] Upadhyay, M. R., Chen, W., Lenstra, J. A., Goderie, C. R. J., Machugh, D. E., Park, S. D. E., Magee, D. A., Matassino, D., Ciani, F., Megens, H. J., Van Arendonk, J. A. M., Groenen, M. A. M., Marsan, P. A., Balteanu, V., Dunner, S., Garcia, J. F., Ginja, C., and Kantanen, J., "Genetic origin, admixture and population history of aurochs (*Bos primigenius*) and primitive European cattle," *Heredity*, V. 118, n° 2, (2017), 169–176.
- [80] Jombart, T., "Adegenet: A R package for the multivariate analysis of genetic markers," *Bioinformatics*, V. 24, n° 11, (2008), 1403–1405.
- [81] Delaneau, O., Marchini, J., and Zagury, J.-F., "A linear complexity phasing method for thousands of genomes," *Nature Methods*, V. 9, n° 2, (Feb. 2012), 179–181.
- [82] Kopelman, N. M., Mayzel, J., Jakobsson, M., Rosenberg, N. A., and Mayrose, I., "Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K.," *Molecular ecology resources*, V. 15, n° 5, (Sep. 2015), 1179–91.
- [83] LAMRANI, "No TitleSTANDARD DE LA RACE OVINE OULED-DJELLAL.PN.NA 15457," (2007), .
- [84] Alderson, G. L. H., "The development of a system of linear measurements to provide an assessment of type and function of beef cattle," *Animal Genetic Resources Information*, V. 25, n° 45, (1999), 45–55.
- [85] R, version 3.6. ., "Planting of a Tree" Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing Platform: i386-w64-mingw32/i386 (32-bit)," (2019), .
- [86] Afri-Bouzebda, F., Djaout, A., and Belkhiri, Z. B. Y., "Description barymétrique de cinq races ovines algériennes Barymetry of five algerian

- sheep breeds," V. 30, n° 4, (2018), 1–14.
- [87] Belharfi, F. ., Djaout, A., Abdelkader, A. A., Bechir, S., and Gaouar, S., "BARYMETRIC CHARACTERIZATION OF ALGERIAN SHEEP BREEDS IN," n° June 2018, (2017), .
- [88] Boubekour, A., Benyoucef, M. T., Lounassi, M., Slimani, A., and Amiali, M., "Phenotypic characteristics of Algerian D'man sheep breed in Adrar oases," *Livestock Research for Rural Development*, V. 27, n° 7, (2015), .
- [89] EL Bouahiaoui, R., Arbouche, F., Ghozlane, F., Moulla, F., Belkheir, B., Bentrhoua, A., Hidra, H., Mansouri, H., and Draya, A., "Distribution and phenotype of the sheep breed Blue of Kabylia called " Tazegzawt " .," V. 27, n° 10, (2015), 1–9.
- [90] Chekkal, F., Benguega, Z., Meradi, S., Berredjough, D., Boudibi, S., and Lakhdari, F., "Guide de caractérisation phénotypique des races ovines de l'Algérie," Biskra, (2015), .
- [91] Djaout, A., Afri-Bouzebda, F., Chekal, F., El-Bouyahiaoui, R., Rabhi, A., Boubekour, A., Benidir, M., Ameer, A. A., and Gaouar, S. B. S., "Etat de la biodiversité des «races» ovines algériennes," *Genet. Biodivers.(GABJ)*, V. 1, (2017), 1–16.
- [92] Harkat, S., Laoun, A., Benali, R., Outayeb, D., Ferrouk, M., Maftah, A., Da Silva, A., and Lafri, M., "Phenotypic characterization of the major sheep breed in Algeria," *Revue de Medecine Veterinaire*, V. 166, n° 5–6, (2015), 138–147.
- [93] Laoun, A., Harkat, S., Benali, R., Yabrir, B., Hakem, A., Ranebi, D., Maftah, A., Madani, T., Da Silva, A., and Lafri, M., "Caractérisation phénotypique de la race ovine Rembi d'Algérie," *Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux*, V. 68, n° 1, (2015), 19–26.
- [94] Ould Ouelhadj, H., "Caractérisation phénotypique de la race ovine Hamra élevée au sein de la ferme de démonstration ITELV Saida (zone céréalière)," 2017.

- [95] Andersson, M. B., *Sexual selection*. Princeton University Press, 1994, 1994.
- [96] LeBlanc, M., Festa-Bianchet, M., and Jorgenson, J. T., “Sexual size dimorphism in bighorn sheep (*Ovis canadensis*): effects of population density,” *Canadian Journal of Zoology*, V. 79, n° 9, (2011), 1661–1670.
- [97] El Bouyahiaoui, R., Arbouche, F., Ghozlane, F., Moulla, F., Belkheir, B., Bentrhoua, A., Hidra, H., Mansouri, H., IguerOuada, M., and Bellahreche, A., “Répartition et phénotype de la race ovine Bleue de Kabylie ou Tazegzawt (Algérie),” *Livestock Research for Rural Development*, V. 27, n° 10, (2015), .
- [98] Djaout, A., Chekal, F., Rabhi, A., Boubekour, A., Benidir, M., A, A. A., and Gaouar, S. B. S., “ETAT DE LA BIODIVERSITE DES « RACES » OVINES ALGERIENNES,” V. 1, (2017), .
- [99] Benyoucef, M. T., Zahaf, A., Kaidi, R., Khelaf, D., Benzidor, A., Boutebila, S., and Benaissa, T., “Aspects organisationnels et techniques d’ un programme d’ étude génétique de la race ovine Hamra dans la région de l’ Ouest (Algérie),” *In : Gabiñ a D . (ed.). Strategies for sheep and goat breeding . Zaragoza : CIHEAM*, V. Cahiers Op, (1995), 215–224.
- [100] Benyoucef, M. T., Madani, T., and Abbas, K., “Systèmes d’élevage et objectifs de sélection chez les ovins en situation semi-aride algérienne,” V. 109, (2000), 101–109.
- [101] Esquivelzeta, C., Fina, M., Bach, R., Madruga, C., Caja, G., Casellas, J., and Piedrafita, J., “Morphological analysis and subpopulation characterization of Ripollesa sheep breed,” *Animal Genetic Resources/Ressources génétiques animales/Recursos genéticos animales*, V. 49, n° December, (2011), 9–17.
- [102] Dauda, A., “Morphological Indices in Evaluation of Type and Function and Stepwise Regression Analysis in Balami Sheep,” V. 1, n° 2, (2018), 54–58.
- [103] Chiemela, P. ., Sandip, B., T.A, M., Egbu, C. ., Ugbo, E. ., Akpolu, E. ., and Umanah, I. ., “Structural indices of Boer, Central highland and their F1

- Crossbred goats reared at Ataye farm, Ethiopia,” *Journal of Agricultural and Research Structural*, V. 2, n° 11, (2016), 1–18.
- [104] Handiwirawan, E., Noor, R. R., Sumantri, C., and Subandriyo, “The Differentiation of Sheep Breed Based on the Body Measurements,” *J. Indon. Trop. Anim. Agric.*, V. 36, n° March, (2011), 1–8.
- [105] Benyoucef, M. T., and Ayachi, A., “Mesure de la production laitière de brebis Hamra durant les phases d’ allaitement et de traite,” *Ann Zootech*, V. 40, (1991), 1–7.
- [106] Leborgne, M.-C., and Tanguy, J.-M., *Reproduction des animaux d’élevage (édition 2013)*. Educagri Editions, 2014, 2014.
- [107] Soltner, D., “Zootechnie générale, Tome I. La reproduction des animaux d’élevage,” *Édition Sciences et Techniques Agricoles*, 224 p, (2001), .
- [108] AUGAS, J. P., BOYER, M., FAVRE BONVIN, J., GARRAUD, E., KUPPEL, B., MELIN, N., MOULINARD, D., PAGNAUD, A., SAGOT, L., and SENNEPIN, D., “Reproduction Les grandes règles pour produire Des races,” *CIIRPO, Institut de l’Élevage - Conception maquette : Orlande François - Institut de l’Élevage*, 20104, 2010.
- [109] Heinrichs, A. J., and Radostits, O. M., “Herd health: food animal production medicine,” (2001), .
- [110] Dekhili, M., “Paramètres phénotypiques et génétiques de la reproduction de la brebis Ouled-Djellal (Algérie),” *Arch. Zootec.*, V. 63 (242):, n° (242), (2014), 269–275.
- [111] Boujenane, I., “Small ruminant breeds of Morocco. Characterization of small ruminant breeds in West Asia and North Africa.,” V. 2, (2005), 5–45.
- [112] Harkat, S., and Lafri, M., “Effet Des Traitements Hormonaux Sur Les Parametres De Reproduction Chez Des Brebis « Ouled-Djellal »,” *Courrier du Savoir*, V. 8, (2007), 125–132.
- [113] Deghnouche, K., AISSAOUI, M., MEZIAN, T., and Tlidjane, M.,

- “Reproductive performance of Ouled Djellal ewes in an arid area of Algeria
Performances de reproduction des brebis Ouled Djellal dans une zone aride
de l’ Algérie,” *Journal of new sciences, Agriculture and Biotechnology*,
CSIEA, n° 29, (2017), 2815–2819.
- [114] Titaouine, M., “APPROCHE DE L’ETUDE ZOOTECHNICO-SANITAIRE
DES OVINS DE LA RACE OULED DJELLAL DANS L’EST ALGERIEN
EVOLUTION DES PARAMETRES BIOCHIMIQUES ET
HEMATOLOGIQUES EN FONCTION DE L’ALTITUDE,” UNIVERSITE EL-
HADJ LAKHDAR BATNA, 2015.
- [115] Chemmam, M., Meftah, N., and Boudechiche, M., “Effets de l’avancement
de la saison sexuelle sur les performances de reproduction et le poids des
ageaux Ouled Djellal au sevrages dans le nord-est de l’Algérie,” *Livestock
Research for Rural Development*, V. 26, n° 8, (2014), 7.
- [116] Mefti Korteby, H., Koudri, Z., and Saadi, M., “Caractérisation des
performances de la race ovine Algérienne Ouled Djellal type Djellalia dans
des conditions steppiques,” *Nature & Technology Journal: Agronomic &
Biological Sciences*, V. B, n° 17, (2017), 01–05.
- [117] Dekhili, M., “Fertilité Des Elevages Ovins Type « Hodna » Menes En
Extensif Dans La Region De Setif,” (2010), .
- [118] Allaoui, A., Tlidjane, M., Safsaf, B., and Laghrour, W., “Comparative Study
between Ovine Artificial Insemination and Free Mating in Ouled Djellal
Breed,” *APCBEE Procedia*, V. 8, n° Caas 2013, (2014), 254–259.
- [119] Lamrani, F., Chadane, F., Laadjouzi, Z., Zoudji, D., Benbouabdellah, N.,
Bennani, Z., Abeud, M., Kassoul, and A., “Standard de la race ovine Ouled-
Djellal. PN.NA 15457.” (2007), 7.
- [120] Arbouche, R., Arbouche, H. ., Arbouche, F., and Arboouche, Y., “Facteurs
influençant les paramètres de reproduction des brebis ouled djellal,” *Arch.
Zootec*, V. 62, n° 238, (2013), 311–314.
- [121] Taherti, M., and Kaidi, R., “Productivité de la brebis Ouled Djellal selon le

- mode de conduite de la reproduction,” *Lebanese Science Journal*, V. 19, n° 1, (2018), 47–58.
- [122] Regguem, H., BOUKAZOUHA, A., METAHRI, D., AZZA, S., BOUCHAIR, Y., SAADI, R., and DJEBARI, E., “CHARACTERISATION DE LA RACE OVINE Rembi NA 15329,” (2013), 4.
- [123] Snowder, G. D., “Genetic improvement of overall reproductive success in sheep,” *Asociación Latinoamericana de Producción Animal*, V. 16, n° 1, (2008), 32–40.
- [124] Kenyon, P. R., Thompson, A. N., and Morris, S. T., “Breeding ewe lambs successfully to improve lifetime performance &,” *Small Ruminant Research*, V. 118, n° 1–3, (2014), 2–15.
- [125] Petrovic, M., Caro-Petrovic, V., Ruzic-Muslic, D., Maksimovic, N., Ilic, Z., Milosevic, B., and Stojkovic, J., “Some important factors affecting fertility in sheep,” *Biotechnology in Animal HusbandryBiotehnologija u stocarstvu*, V. 28, n° 3, (2012), 517–528.
- [126] Nouman, S., and Abrar, Y., “Estimates of phenotypic and genetic parameters for ewe productivity traits of Lohi sheep in Pakistan,” *International Journal of Livestock Production*, V. 4, n° 1, (Jan. 2013), 9–13.
- [127] Mulvaney, F. J., Morris, S. T., Kenyon, P. R., West, D. M., and Morel, P. C. H., “Effect of liveweight at the start of the breeding period and liveweight gain during the breeding period and pregnancy on reproductive performance of hoggets and the liveweight of their lambs,” *New Zealand Journal of Agricultural Research*, V. 53, n° 4, (2010), 355–364.
- [128] Ferguson, M. B., Thompson, A. N., Gordon, D. J., Hyder, M. W., Kearney, G. A., Oldham, C. M., and Paganoni, B. L., “The wool production and reproduction of Merino ewes can be predicted from changes in liveweight during pregnancy and lactation,” *Animal Production Science*, V. 51, n° 9, (2011), 763.
- [129] Scaramuzzi, R. J., Campbell, B. K., Downing, J. A., Kendall, N. R., Khalid,

- M., Muñoz-Gutiérrez, M., and Somchit, A., "A review of the effects of supplementary nutrition in the ewe on the concentrations of reproductive and metabolic hormones and the mechanisms that regulate folliculogenesis and ovulation rate," *Reproduction Nutrition Development*, V. 46, n° 4, (Jul. 2006), 339–354.
- [130] El Fadili, M., "La race ovine Beni Guil," *Transfert de Technologie en Agriculture. BULLETIN MENSUEL D'INFORMATION ET DE LIAISON DU PNTTA*, n° 0537, (2009), 77–80.
- [131] Benyounes, A., Rezaiguia, M., and Lamrani, F., "Effet de la saison d'agnelage sur la mortalité des agneaux chez les races ovines Ouled Djellal et Taâdmit élevées dans le nord-est d'Algérie," *REVUE AGRICULTURE*, V. 05, (2013), 5–9.
- [132] Khiati, B., "Etude Des Performances Reproductives De La Brebis De Race Rembi," V. 213, n° 0, (2013), 188.
- [133] Fraselle, A., "Facteurs de risque et moyens de maîtrise de la mortalité des agneaux : mise en place et évaluation d'un protocole d'enquête dans 24 élevages," *ECOLE NATIONALE VETERINAIRE DE TOULOUSE*, 2012.
- [134] María, G. A., and Ascaso, M. S., "Litter size, lambing interval and lamb mortality of Salz, Rasa Aragonesa, Romanov and F1 ewes on accelerated lambing management," *Small Ruminant Research*, V. 32, n° 2, (1999), 167–172.
- [135] Hinch, G. N., and Brien, F., "Lamb survival in Australian flocks: A review," *Animal Production Science*, V. 54, n° 6, (2014), 656–666.
- [136] Dalton, D. C., Knight, T. W., and Johnson, D. L., "Lamb survival in sheep breeds on New Zealand hill country," *New Zealand Journal of Agricultural Research*, V. 23, n° 2, (1980), 167–173.
- [137] Nash, M. L., Hungerford, L. L., Nash, T. G., and Zinn, G. M., "Risk factors for perinatal and postnatal mortality in lambs," *Veterinary Record*, V. 139, n° 3, (1996), 64–67.

- [138] Sawalha, R. M., Conington, J., Brotherstone, S., and Villanueva, B., "Analyses of lamb survival of Scottish Blackface sheep," *Animal*, V. 1, n° 1, (2007), 151–157.
- [139] Binns, S. H., Cox, I. J., Rizvi, S., and Green, L. E., "Risk factors for lamb mortality on UK sheep farms," *Preventive Veterinary Medicine*, V. 52, n° 3–4, (2002), 287–303.
- [140] Gascoigne, E., Bazeley, K., and Lovatt, F., "Can farmers reliably perform neonatal lamb post mortems and what are the perceived obstacles to influencing lamb mortality?," *Small Ruminant Research*, V. 151, n° October 2016, (2017), 36–44.
- [141] Corbiere, F., Chovaux, E., Francois, D., Weisbecker, J. L., Bouvier, F., and Autran, P., "Facteurs de risque individuels et environnementaux de la mortalité des agneaux : analyse des données des stations expérimentales du département de génétique animale de l' INRA Individual and environmental risk factors associated with lamb mortality : ana," *Renc. Rech. Ruminants*, V. 19, (2012), 131–134.
- [142] Vandiest – FICOW, P., "Mortalité des agneaux, TAUX, CAUSES ET INCIDENCE DES PRATIQUES D'ÉLEVAGE," *Filière Ovine et Caprine*, V. 42, n° 4, (2012), 3–7.
- [143] Bekele, T., Kasali, O. B., and Woldeab, T., "Causes of lamb morbidity and mortality in the Ethiopian highlands," *Veterinary research communications*, V. 16, n° 6, (1992), 415–424.
- [144] Mukasa-Mugerwa, E., Lahlou-Kassi, A., Anindo, D., Rege, J. E. O., Tembely, S., Tibbo, M., and Baker, R. L., "Between and within breed variation in lamb survival and the risk factors associated with major causes of mortality in indigenous Horro and Menz sheep in Ethiopia," *Small Ruminant Research*, V. 37, n° 1–2, (2000), 1–12.
- [145] Wilson, R. T., Peacock, C. P., and Sayers, A. R., "Pre-weaning mortality and productivity indices for goats and sheep on a Masai group ranch in south-central Kenya," *Animal Production*, V. 41, n° 02, (1985), 201–206.

- [146] Khan, A., Sultan, M. A., Jalvi, M. A., Khan, A., Sultan, M. A., Jalvi, M. A., and Risk, I. H., "Risk factors of lamb mortality in Pakistan To cite this version : Original article," (2006), .
- [147] Gama, L. T., Dickerson, G. E., Young, L. D., and Leymaster, K. A., "Effects of breed, heterosis, age of dam, litter size, and birth weight on lamb mortality.," *Journal of animal science*, V. 69, n° 7, (1991), 2727–2743.
- [148] Huffman, E. M., Kirk, J. H., and Pappaioanou, M., "Factors associated with neonatal lamb mortality," *Theriogenology*, V. 24, n° 2, (1985), 163–171.
- [149] Mchugh, N., Berry, D. P., and Pabiou, T., "Risk factors associated with lambing traits," *Animal*, V. 10, n° 1, (2016), 89–95.
- [150] Turkson, P. K., and Sualisu, M., "Risk factors for lamb mortality in Sahelian sheep on a breeding station in Ghana," *Tropical Animal Health and Production*, V. 37, n° 1, (2005), 49–64.
- [151] Gautier, J.-M., and Corbiere, F., "La mortalité des agneaux: état des connaissances," *Rencontres Recherches Ruminants*, n° 1, (2011), 255–262.
- [152] Cimon, M. J., Rioux, G., and Vachon, M., "Elaboration d'un plan de prévention de la mortalité néonatale en production ovine. rapport final.," (2005), .
- [153] El Fadili, M., *Productivité et qualité des agneaux et de la viande dans les croisement de la race ovine Texel belge au Maroc*. Institut National de la Recherche Agronomique, 2009, 2009.
- [154] Boujenane, I., and Mharchi, A., "Estimation des paramètres génétiques et phénotypiques des performances de croissance et de viabilité des agneaux de race Béni Guil," *Actes Inst. Agron. Vet.*, V. 12, n° 4, (1992), 15–22.
- [155] Dekhili, M., and Aggoun, A., "Performances reproductives de brebis de race Ouled-Djellal, dans deux milieux contrastés," *Arch. Zootec.*, V. 56, n° 216, (2007), 963–966.
- [156] Sid, N., "Bilan des autopsies et causes de mortalité des ovins dans la ferme

pilote Abassi Larbi,” (2014), .

- [157] Abdelhadi, S. A., “ETUDE DES MORTALITES PERINATALES DES AGNEAUX AU NIVEAU DE LA REGION DE TIARET,” UNIVERSITE D’ORAN (SENIA), 2007.
- [158] Boies, D., “Analyse de groupe provinciale en production ovine 1998. Centre d’expertise en production ovine du Québec,” (1999), .
- [159] Steinheim, G., Eikje, L. S., Klemetsdal, G., Ådnøy, T., and Ødegård, J., “The effect of breed and breed-by-flock interaction on summer mortality of free-ranging lambs in Norwegian sheep,” *Small Ruminant Research*, V. 105, n° 1–3, (2012), 79–82.
- [160] Holmøy, I. H., Kielland, C., Marie Stubsjøen, S., Hektoen, L., and Waage, S., “Housing conditions and management practices associated with neonatal lamb mortality in sheep flocks in Norway,” *Preventive Veterinary Medicine*, V. 107, n° 3–4, (2012), 231–241.
- [161] Gowane, G. R., Swarnkar, C. P., Prince, L. L. L., and Kumar, A., “Genetic parameters for neonatal mortality in lambs at semi-arid region of Rajasthan India,” *Livestock Science*, V. 210, n° October 2017, (2018), 85–92.
- [162] Chniter, M., Hammadi, M., Khorchani, T., Krit, R., Lahsoui, B., Sassi, M. Ben., Nowak, R., and Hamouda, M. Ben, “Phenotypic and seasonal factors influence birth weight, growth rate and lamb mortality in D’man sheep maintained under intensive management in Tunisian oases,” *Small Ruminant Research*, V. 99, n° 2–3, (2011), 166–170.
- [163] Berger, Y. M., “Lamb Mortality and Causes - A nine year summary at the Spooner Agricultural Research Station,” *The Shepherd*, n° December 1997, (1997), 12–15.
- [164] Fragkou, I. A., Mavrogianni, V. S., and Fthenakis, G. C., “Diagnostic investigation of cases of deaths of newborn lambs,” *Small Ruminant Research*, V. 92, n° 1–3, (2010), 41–44.

- [165] Aktaş, A. H., Dursun, S., Dogan, S., Kiyima, Z., Demirci, U., and Halici, I., “Effects of ewe live weight and age on reproductive performance, lamb growth, and survival in Central Anatolian Merino sheep,” *Archives Animal Breeding*, V. 58, n° 2, (2015), 451–459.
- [166] Annett, R. W., and Carson, A. F., “Effects of plane of nutrition during the first month of pregnancy on conception rate, foetal development and lamb output of mature and adolescent ewes,” *Animal Science*, V. 82, n° 6, (2006), 947–954.
- [167] Cloete, S. W. P., Scholtz, A. J., Gilmour, A. R., and Olivier, J. J., “Genetic and environmental effects on lambing and neonatal behaviour of Dormer and SA Mutton Merino lambs,” *Livestock Production Science*, V. 78, n° 3, (2002), 183–193.
- [168] Smith, G. M., “Factors affecting birth weight, dystocia and preweaning survival in sheep,” *Journal of Animal Science*, V. 44, n° 5, (1977), 745–753.
- [169] Chniter, M., “Facteurs de risque de la mortalité des agneaux D ’ man élevés dans les oasis tunisiennes : relations avec les aptitudes maternelles et la vigueur du nouveau-né,” Tours, 2013.
- [170] Chniter, M., Hammadi, M., Khorchani, T., Ben Sassi, M., Harab, H., Krit, R., and Ben Hamouda, M., “Performances de croissance et de mortalité des agneaux D ’ man élevés dans la ferme de l ’ OEP à Chenchou,” *Options Méditerranéennes. Séries A. Mediterranean Seminars*, V. 163, n° 97, (2011), 161–163.
- [171] Dwyer, C. M., Lawrence, A. B., Bishop, S. C., and Lewis, M., “Ewe–lamb bonding behaviours at birth are affected by maternal undernutrition in pregnancy,” *British Journal of Nutrition*, V. 89, n° 1, (2003), 123–136.
- [172] Chniter, M., Hammadi, M., Khorchani, T., Sassi, M. Ben., Hamouda, M. Ben, and Nowak, R., “Aspects of neonatal physiology have an influence on lambs’ early growth and survival in prolific D’man sheep,” *Small Ruminant Research*, V. 111, n° 1–3, (2013), 162–170.

- [173] Greenwood, P. L., and Bell, A. W., “Consequences of intra-uterine growth retardation for postnatal growth , metabolism and pathophysiology,” n° 1968, (2003), 195–206.
- [174] Gharbi, I.,, Dechicha, A. S.,, Ferrouk, M.,, Kebbal, S., and Guetarni, D., “Effets de la dose de gonadotrophines sur l ’ œstrus et la production d ’ embryons chez les brebis Hamra et Ouled Djellal,” (2018), .
- [175] Ben Hamouda, M., “contrôle de croissance des ovins allaitants en Tunisie. i. ajustement d’une courbe globale et analyse critique du protocole officiel M.,” *Revue d’élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux*, V. 65, n° 1–2, (2012), 31–39.
- [176] Chniter, M.,, Hammadi, M.,, Khorchani, T.,, Krit, R.,, Lahsoui, B.,, Sassi, M. Ben.,, Nowak, R., and Hamouda, M. Ben, “Phenotypic and seasonal factors influence birth weight, growth rate and lamb mortality in D’man sheep maintained under intensive management in Tunisian oases,” *Small Ruminant Research*, V. 99, n° 2–3, (2011), 166–170.
- [177] El Fadili, M.,, Michaux, C.,, Boulanouar, B., and Leroy, P. L., “Environmental and genetic effects on growth in Timahdite and crossbred lambs in Morocco,” *Revue Élev. Méd. vét. Pays trop*, V. 53, n° 21, (2000), 75–83.
- [178] Ricordeau, G.,, Bocard, R.,, Damiani, C., and Van Willigen, A., “Relations entre la quantité de lait consommé par les agneaux et leur croissance,” (1961), .
- [179] Benchohra, M.,, Amara, K.,, Kalbaza, A. Y., and Hemida, H., “Body Weight Changes of Non-dairy Rembi Sheep During Lactation Period in Tiaret District , Algeria,” V. 12, n° 5, (2014), 617–621.
- [180] Boujenane, I., and Kerfal, M., “Estimation de la production laitière des brebis D’man,” *Al Awamia*, V. 78, (1992), 145–155.
- [181] Boujenane, I.,, Zian, S. M., and Sadik, M., : “Estimation des paramètres génétiques et phénotypiques de la croissance des ovins de race Sardi,” V. d, (2001), .

- [182] Aguirre, E. L., Mattos, E. C., Eler, J. P., Neto, A. D. B., and Ferraz, J. B., "Estimation of genetic parameters and genetic changes for growth characteristics of Santa Ines sheep," V. 15, n° 3, (2016), 1–12.
- [183] Boujenane, I., Chikhi, A., Ibelbachyr, M., and Mouh, F. Z., "Estimation of genetic parameters and maternal effects for body weight at different ages in D'man sheep," *Small Ruminant Research*, V. 130, (2015), 27–35.
- [184] Kuchtík, J., and Dobeš, I., "Effect of some factors on growth of lambs from crossing between the Improved Wallachian and East Friesian," *Czech Journal of Animal Science*, V. 51, n° 2, (2006), 54–60.
- [185] Akhtar, M., Javed, K., Abdullah, M., Ahmad, N., and Elzo, M. A., "Environmental factors affecting preweaning growth traits of Buchi sheep in Pakistan," *The J. Anim. and Plant Sci*, V. 22, n° 3, (2012), 529–536.
- [186] Gardner, D. S., Buttery, P. J., Daniel, Z., and Symonds, M. E., "Factors affecting birth weight in sheep: maternal environment," *Reproduction*, V. 133, n° 1, (Jan. 2007), 297–307.
- [187] Boujenane, I., Chikhi, A., Sylla, M., and Ibelbachyr, M., "Estimation of genetic parameters and genetic gains for reproductive traits and body weight of D ' man ewes," *Small Ruminant Research*, V. 113, n° 1, (2013), 40–46.
- [188] Benchohra, M., Aggad, H., and Hemida, H., "Production laitière , croissance et comportement des agneaux chez le mouton Rembi en période d ' allaitement," *Algerian journal of arid environment*, V. 4, n° 2, (2014), 31–41.
- [189] Benyoucef, M., and Ayachi, A., "Mesure de la production laitière de brebis Hamra durant les phases d'allaitement et de traite," *Annales de Zootechnie*, V. 40, n° 1, (1991), 1–7.
- [190] Boubekour, A., Benyoucef, M. T., Bousbia, A., Slimani, A., and Lounassi, A. M. M., "Facteurs de variation de la croissance et la viabilité d ' agneaux D ' Man en oasis algériennes," V. 31, n° 3, (2019), .
- [191] Chikhi, A., and Boujenane, I., "Caractérisation zootechnique des ovins de

- race Sardi au Maroc,” *Revue Élev. Méd. vét. Pays trop.*, V. 56, n° (3-4), (2003), 187–192.
- [192] Barbato, M., Orozco-terWengel, P., Tapio, M., and Bruford, M. W., “SNeP: A tool to estimate trends in recent effective population size trajectories using genome-wide SNP data,” *Frontiers in Genetics*, V. 6, n° MAR, (2015), .
- [193] FAO, “The Second Report on the State of the World’s Animal Genetic Resources for Food and Agriculture,” (2015), .
- [194] Scherf, B., Rischkowsky, B., Pilling, D., and Hoffmann, I., “The state of the world’s animal genetic resources.” *8th Wrld Congr. Gen. Appl. to Livest. Prod.*, 13–18, Belo Horizonte, MG, Brazil, (2006), .
- [195] Shrestha, J. N. B., “Conserving domestic animal diversity among composite populations,” *Small Ruminant Research*, V. 56, n° 1–3, (Jan. 2005), 3–20.
- [196] Hassan, F. A., Blench, R. M., and MacDonald, K. C., “Climate and cattle in North Africa: a first approximation. The origins and development of African livestock: archaeology, genetics, linguistics and ethnography,” *London UCL Press p. 61–86*, (2000), .
- [197] Kosgey, I. S., Rowlands, G. J., van Arendonk, J. A. M., and Baker, R. L., “Small ruminant production in smallholder and pastoral/extensive farming systems in Kenya,” *Small Ruminant Research*, V. 77, n° 1, (2008), 11–24.
- [198] Taberlet, P., VALENTINI, A., REZAEI, H. R., NADERI, S., POMPANON, F., NEGRINI, R., and AJMONE-MARSAN, P., “Are cattle, sheep, and goats endangered species?,” *Molecular Ecology*, V. 17, n° 1, (Jan. 2008), 275–284.
- [199] Madani, T., Yakhlef, H., and Abbache, N., “Les races bovines, ovines, caprines et camelines. 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.” (2003), 22–23.
- [200] MATET, “Quatrième rapport national sur la mise en œuvre de la convention

- sur la diversité biologique au niveau national. Alger, Algérie,” (2009), .
- [201] Gaouar, S. B. S., Kdidi, S., and Ouragh, L., “Estimating population structure and genetic diversity of five Moroccan sheep breeds by microsatellite markers,” *Small Ruminant Research*, V. 144, (2016), 23–27.
- [202] Couput, M., “Espèce Ovine, Laine et Industrie Lainière. Edition Pour L’exposition Universelle De 1900, Section Algérie de M. Couput, directeur du Service des bergeries,” (1900), .
- [203] Guessous, F., Rihani, N., Kabbali, A., and Johnson, W. L., “Improving feeding systems for sheep in a Mediterranean rain-fed cereals/livestock area of Morocco.,” *Journal of animal science*, V. 67, n° 11, (Nov. 1989), 3080–6.
- [204] Lahlou-Kassi, A., Berger, Y. M., Bradford, G. E., Boukhliq, R., Tibary, A., Derqaoui, L., and Boujenane, I., “Performance of D’Man and Sardi sheep on accelerated lambing I. Fertility, litter size, postpartum anoestrus and puberty,” *Small Ruminant Research*, V. 2, n° 3, (Sep. 1989), 225–239.
- [205] Mason, I. ., “A Dictionary Of Livestock Breeds,” (1969), .
- [206] Sanson, A., “Les moutons. Histoire naturelle et zootechnie. Quatrième édition. Ouvrage orné de 56 gravures. Paris, Librairie agricole de la maison rustique,” (1885), .
- [207] Trouette, M., “La sélection ovine dans le troupeau indigène. Direction des Services de l’Élevage. Imprimerie P. Guiauchin,” (1933), .
- [208] Turries, V., “Les populations ovines algériennes. Chaire de zootechnie et de pastoralisme, 16p. INA, Alger,” (1976), 16.
- [209] Boujenane, I., Ait Bihi, N., and Boukallouche, A., “Amélioration génétique des ovins au Maroc,” in *Strategies for Sheep and Goat Breeding. Proceedings of the meeting of the joint FAO/CIHEAM Network on Sheep and Goats, Subnetwork on Animal Resources, Sidi-Thabet, Tunisia, 1995*, 199526–28.
- [210] Danecek, P., Auton, A., Abecasis, G., Albers, C. a., Banks, E., DePristo,

- M. a., Handsaker, R. E., Lunter, G., Marth, G. T., Sherry, S. T., McVean, G., and Durbin, R., "The variant call format and VCFtools," *Bioinformatics*, V. 27, n° 15, (Aug. 2011), 2156–2158.
- [211] Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M. A. R., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., de Bakker, P. I. W., Daly, M. J., and Sham, P. C., "PLINK: A Tool Set for Whole-Genome Association and Population-Based Linkage Analyses," *The American Journal of Human Genetics*, V. 81, n° 3, (2007), 559–575.
- [212] Manunza, A., *et al.*, "A genome-wide perspective about the diversity and demographic history of seven Spanish goat breeds," *Genetics Selection Evolution*, V. 48, n° 1, (2016), 1–9.
- [213] Lencz, T., Lambert, C., DeRosse, P., Burdick, K. E., Morgan, T. V., Kane, J. M., Kucherlapati, R., and Malhotra, A. K., "Runs of homozygosity reveal highly penetrant recessive loci in schizophrenia," *Proceedings of the National Academy of Sciences*, V. 104, n° 50, (2007), 19942–19947.
- [214] Browning, S. R., and Browning, B. L., "Rapid and Accurate Haplotype Phasing and Missing-Data Inference for Whole-Genome Association Studies By Use of Localized Haplotype Clustering," *The American Journal of Human Genetics*, V. 81, n° 5, (2007), 1084–1097.
- [215] Weir, B. S., and Cockerham, C. C., "Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure," *Evolution*, V. 38, n° 6, (1984), 1358.
- [216] Lewis, P. ., and Zaykin, D., "Genetic data analysis. Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0. Lewis Labs, Univ of Connecticut, Storrs, CT," (1999), .
- [217] Steinig, E. J., Neuditschko, M., Khatkar, M. S., Raadsma, H. W., and Zenger, K. R., "Netview p: A network visualization tool to unravel complex population structure using genome-wide SNPs," *Molecular Ecology Resources*, V. 16, n° 1, (2016), 216–227.
- [218] Huson, D. H., "SplitsTree: Analyzing and visualizing evolutionary data,"

Bioinformatics, V. 14, n° 1, (1998), 68–73.

- [219] Kopelman, N. M., Mayzel, J., Jakobsson, M., Rosenberg, N. A., and Mayrose, I., “<sc>Clumpak</sc> : a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K ,” *Molecular Ecology Resources*, V. 15, n° 5, (Sep. 2015), 1179–1191.
- [220] R Core Team, *R: A Language and Environment for Statistical Computing*, V. 1. 2017, 2017.
- [221] WRIGHt, S., “Evolution and the genetics of natural populations. Vol. 4. Variation within and among natural populations.” Univ. of Chicago Press, Chi-cago, 1978, 1978.
- [222] Purfield, D. C., Berry, D. P., McParland, S., and Bradley, D. G., “Runs of homozygosity and population history in cattle,” *BMC Genetics*, V. 13, (2012), .
- [223] Ai, H., Huang, L., and Ren, J., “Genetic Diversity, Linkage Disequilibrium and Selection Signatures in Chinese and Western Pigs Revealed by Genome-Wide SNP Markers,” *PLoS ONE*, V. 8, n° 2, (2013), .
- [224] McQuillan, R., *et al.*, “Runs of homozygosity in European populations.,” *American journal of human genetics*, V. 83, n° 3, (Sep. 2008), 359–72.
- [225] Ciani, E., *et al.*, “Genome-wide analysis of Italian sheep diversity reveals a strong geographic pattern and cryptic relationships between breeds,” *Animal Genetics*, V. 45, n° 2, (Apr. 2014), 256–266.
- [226] Kijas, J. W., Lenstra, J. A., Hayes, B., Boitard, S., Neto, L. R., Cristobal, M. S., Servin, B., McCulloch, R., Whan, V., Gietzen, K., Paiva, S., Barendse, W., Ciani, E., Raadsma, H., McEwan, J., and Dalrymple, B., “Genome-wide analysis of the world’s sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection,” *PLoS Biology*, V. 10, n° 2, (2012), .
- [227] van Dorp, L., Balding, D., Myers, S., Pagani, L., Tyler-Smith, C., Bekele,

- E., Tarekegn, A., Thomas, M. G., Bradman, N., and Hellenthal, G., “Evidence for a Common Origin of Blacksmiths and Cultivators in the Ethiopian Ari within the Last 4500 Years: Lessons for Clustering-Based Inference,” *PLoS Genetics*, V. 11, n° 8, (2015), 1–49.
- [228] Nazareno, A. G., Bemmels, J. B., Dick, C. W., and Lohmann, L. G., “Minimum sample sizes for population genomics: an empirical study from an Amazonian plant species,” *Molecular Ecology Resources*, V. 17, (2017), 1136– 1147.
- [229] Willing, E. M., Dreyer, C., and van Oosterhout, C., “Estimates of genetic differentiation measured by *fst* do not necessarily require large sample sizes when using many snp markers,” *PLoS ONE*, V. 7, n° 8, (2012), .
- [230] Kijas, J. W., Lenstra, J. A., Hayes, B., Boitard, S., Porto Neto, L. R., San Cristobal, M., Servin, B., McCulloch, R., Whan, V., Gietzen, K., Paiva, S., Barendse, W., Ciani, E., Raadsma, H., McEwan, J., Dalrymple, B., and International Sheep Genomics Consortium Members, “Genome-wide analysis of the world’s sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection.,” *PLoS biology*, V. 10, n° 2, (Feb. 2012), e1001258.
- [231] Bechchari, A., EL Aich, A., Mahyou, H., Baghdad, M., and Bendaou, M., “Analyse de l ’ évolution du système pastoral du Maroc oriental,” *Revue d’élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux*, (2013), .
- [232] Brisebarre, A., “Races ovines, systèmes d’élevage et représentations des éleveurs, in Bonte P., Elloumi M., Guillaume H. et Mahdi M. (dir.), Développement rural, environnement et enjeux territoriaux. Regards croisés Oriental marocain et Sud-Est tunisien.,” *Tunis, Cérès Éditions*, (2009), 63– 69.
- [233] Mathieu, M., and L, T., “Les hauts plateaux Oranais, rapport de mission. Alger,” Alger, (1891), .
- [234] Lebaudy, G., “De la steppe aux alpages. La transhumance des moutons africains,” *In Berbères, de rives en rêves*, (2008), 118–124.

- [235] Cambon, J., "Le pays du mouton : des conditions d'existence des troupeaux sur les hauts-plateaux et dans le sud de l'Algérie.," (1893), .
- [236] Viger, A., *Etude sur la question ovine en Algérie. Imprimerie typographique et lithographique G. Mont-Louis, Clermont-Ferrand.* 1892, 1892.
- [237] Sponenberg, D. ., and Bixby, D. ., "Managing Breeds for a Secure Future: Strategies for Breeders and Breed Associations," V. ALBC, (2007), 208.
- [238] Bruford, M. W., *et al.*, "Prospects and challenges for the conservation of farm animal genomic resources, 2015-2025," *Frontiers in Genetics*, V. 6, n° OCT, (Oct. 2015), 1–11.

OPEN

Genetic homogenization of indigenous sheep breeds in Northwest Africa

Ibrahim Belabdi^{1,2}, Abdessamad Ouhrouch^{3,7}, Mohamed Lafri^{1,2}, Semir Bechir Suheil Gaouar⁴, Elena Ciani⁵, Ahmed Redha Benali^{1,2}, Hakim Ould Ouelhadj⁶, Abdelmajid Haddioui⁷, François Pompanon⁸, Véronique Blanquet⁹, Dominique Taurisson-Mouret¹⁰, Sahraoui Harkat^{1,2}, Johannes A. Lenstra¹¹, Badr Benjelloun^{3,8} & Anne Da Silva⁹

Northwest-African sheep represent an ideal case-study for assessing the potential impact of genetic homogenization as a threat to the future of traditional breeds that are adapted to local conditions. We studied ten Algerian and Moroccan breeds of sheep, including three transboundary breeds, distributed over a large part of the Maghreb region, which represents a geographically and historically coherent unit. Our analysis of the dataset that involved carrying out Genome-wide SNP genotyping, revealed a high level of homogenization (ADMIXTURE, NetView, fineSTRUCTURE and IBD segments analyses), in such a way that some breeds from different origins appeared genetically undistinguished: by grouping the eight most admixed populations, we obtained a mean global F_{ST} value of 0.0024. The sPCA analysis revealed that the major part of Morocco and the Northern part of Algeria were affected by the phenomenon, including most of the breeds considered. Unsupervised cross-breeding with the popular Ouled-Djellal breed was identified as a proximate cause of this homogenization. The issue of transboundary breeds was investigated, and the Hamra breed in particular was examined *via* ROH fragments analysis. Genetic diversity was considered in the light of historical archives and anthropological works. All of these elements taken together suggest that homogenization as a factor affecting the Maghrebin sheep stock, has been particularly significant over the last few decades, although this process probably started much earlier. In particular, we have identified the policies set by the French administration during the colonial period of the region's history as a causal factor that probably contributed significantly to this process. The genetic homogenization that we have observed calls into question the integrity of the farm animal genomic resources represented by these local breeds, whose conservation is of critical importance to the future of the livestock sector.

Local breeds are defined as those that have been in a country “for a sufficient time to be genetically adapted to one or more traditional production systems or environments in the country”¹. Due to these adaptations, local breeds represent valuable genetic resources, especially in the context of climate change². However, a large proportion of them are at serious risk of extinction³. One of the main threats is uncontrolled cross-breeding (*i.e.*, breeding not carried out within the framework of selection plans) with more productive local or imported breeds being favoured by farmers, who face increasing economic pressure. These practices, assessed by FAO to establish

¹Science Veterinary Institute, University of Blida, BP 270, Blida, 09000, Algeria. ²Laboratory of Biotechnology related to Animal Reproduction (LBRA), University of Blida, BP 270, Blida, 09000, Algeria. ³National Institute of Agronomic Research (INRA Maroc), Regional Centre of Agronomic Research, Beni-Mellal, Morocco. ⁴Department of Biology, Aboubakr Belkaid Tlemcen University, laboratory of Physiopathologie et biochimie de la Nutrition (PpBioNut), Tlemcen, Algeria. ⁵Department of Biosciences, Biotechnologies and Biopharmaceutics, University of Bari, Bari, Italy. ⁶Institut technique des Elevages Saïda, Saïda, Algeria. ⁷Laboratoire de Biotechnologies et Valorisation des Ressources Phytogénétiques (LBVRP), Université Sultan Moulay Slimane, BéniMellal, Morocco. ⁸Univ. Grenoble Alpes, Univ. Savoie Mont-Blanc, CNRS, LECA, 38000, Grenoble, France. ⁹Univ. Limoges, INRA, PEREINE EA7500, USC1061 GAMAA, F-87000, Limoges, France. ¹⁰CNRS, UMR 5815, Dynamiques du droit, Université de Montpellier, Montpellier, France. ¹¹Utrecht University, Faculty of Veterinary Medicine, Utrecht, Netherlands. Ibrahim Belabdi, Abdessamad Ouhrouch, Badr Benjelloun and Anne Da Silva contributed equally. Correspondence and requests for materials should be addressed to A.D.S. (email: anne.blondeau@unilim.fr)

risk status, lead to genetic dilution, *i.e.* overwhelmingly high numbers of non-local genes lowering the relative frequency of native genes in the population. They favor genetic homogenization via the loss of rare or specific variants, and induce disruption of co-adapted gene complexes, which jeopardizes the integrity and viability of the local populations^{4,5}.

The stock of North African domestic sheep (*Ovis aries*) provides an ideal case-study for assessing the problem of genetic homogenization among local breeds and its impact on farm animal genetic resources. This stock is 7000 years old⁶, and contains a remarkable diversity of populations, which have been maintained under traditional farming systems over millennia⁷. These systems have enabled the emergence of breeds locally adapted. In the Maghreb, the diversity of territories (mountains, steppes, desert, oasis, *etc.*) and climates, in combination with the history of the region's people, have shaped a rich livestock heritage.

In recent decades it has been observed that in Algeria there is a strong preference among farmers for the Ouled-Djellal breed, due to its larger conformation, and this has led to the intensification of anarchic crossing practices between local breeds. The breeders hope through such practices to increase their productivity^{8–10}. This results in a strong admixture between Ouled-Djellal, Rembi, Taâdmit, and Berber breeds^{11,12}. For the Berber breed, a primitive breed that is thought to be the most ancient breed of the Maghreb¹³, absorption by an Arab breed-type had already begun in 1900. Indeed, in an observation dating from that time, Couput¹⁴ mentions that only isolated populations, generally located in the mountains, remained preserved. Today, DNA markers do not detect any differentiation between Berber and Ouled-Djellal, Rembi or Taâdmit breeds, while the Sidaoun breed (raised by the Tuareg people), the D'Man breed (mostly encountered in oases), the Tazegzawth breed (from the Kabyle mountains) and the Hamra breed (called Beni-Guil in Morocco) all appear to be more genetically preserved^{11,12}.

Our study of the genetic diversity of Maghrebin sheep relies on breeds from Morocco and Algeria, two countries that represent a substantial part of the Maghreb area. The stabilization of national borders in the Maghreb region started in the 18th century. For this reason an analysis of the processes shaping these livestock, whose origins date as far back as 7000 years BP, would be better and more coherently approached under a broader geographic scale (*i.e.* the diversity of sheep breeds in the Maghreb should be considered at a scale above the national level). The aims of the study were to assess the genetic structuration of the Maghrebin sheep stock. Particular attention was paid to the case of the transboundary (*i.e.* Hamra/Beni-Guil, D'Man and Ouled-Djellal) breeds, in order to see how their history and genetic characteristics can provide insights regarding the evolution of the Maghrebin sheep stock.

Results

A total of 180 sheep (93 from Algeria and 87 from Morocco) from ten breeds (three trans-boundary breeds, five Algerian and two Moroccan breeds, Table S1) were analyzed through a panel of 36,376 SNPs after having merged the Moroccan and Algerian data.

The average F_{IS} value was rather low (mean = -0.044 , s.d. = 0.06), with 129 individuals (*i.e.* 71.7%) showing negative values. A total of 22 individuals showed a pronounced deficit in heterozygosity with F_{IS} values > 0.1 ; this deficit was particularly apparent among the Barbarine (BRBA) and Moroccan D'Man (DMNM) breeds, with 40% and 43.3% of individuals displaying such values, respectively.

Calculation of pair-wise F_{ST} (Table 1) was used to explore the genetic relationships among breeds. Two groups were detected: (i) the first group was composed of Ouled-Jellal subpopulations from Algeria and Morocco (OLDM, OLDA), D'Man from Morocco (DMNM), Hamra from Algeria (HAMA), Beni-Guil (BIGM, also called Hamra in Algeria), Berber (BERA), Sardi (SRDM), Timahdite (TMHM), and Rembi (RMBA); this group had a mean global F_{ST} value of 0.0024 [$0.0021-0.0026$]_{95%} and showed very low values of pair-wise F_{ST} (< 0.006), with nine of these values not significantly different from zero (see confidence intervals). (ii) in the second group, which included the five Algerian remaining breeds (Sidaoun, D'Man, Hamra from pilot farms, Barbarine and Tazegzawth), the pair-wise values of F_{ST} ranged from 0.022 (Barbarine, BRBA/Rembi, RMBA) to 0.113 (Algerian preserved Hamra, HAMAP/Tazegzawth, TZGA).

Considering the case of transboundary breeds, we found that: (i) Beni-Guil (BIGM, called Hamra in Algeria) was not differentiated from Hamra (HAMA) sampled in private Algerian farms (F_{ST} value not significantly different from zero), but was clearly differentiated from the Algerian Hamra population preserved in pilot farms (HAMAP) ($F_{ST} = 0.051$); (ii) D'Man populations from Morocco and Algeria (DMNM and DMNA) showed pair-wise F_{ST} of 0.026 ; (iii) Ouled-Djellal populations from Morocco and Algeria (OLDM and OLDA) showed pair-wise F_{ST} close to zero ($F_{ST} = 0.002$). The NeighborNet graph based on the F_{ST} genetic distances (Fig. S1) allows visualization of these results.

The ADMIXTURE analysis revealed the same pattern, whereby the sheep were characterized by two groups (Fig. 1): In the “non-homogeneous” group, the Sidaoun (SDNA) breed was differentiated from all the other breeds for $K = 2$ (*i.e.* the lowest cross-validation (CV) error) and showed genetic overlap with Algerian D'Man (DMNA). Increasing K from 3 to 6, assigned clusters to the preserved Hamra population (HAMAP), Tazegzawth (TZGA), Barbarine (BRBA) and Algerian D'Man (DMNA). The second, or “homogeneous”, group was characterized by an important phenomenon of admixture, and included all of the remaining breeds. At $K = 7$, a few D'Man individuals from Morocco (DMNM) showed genetic distinctness. For $K > 7$, intra-breed structuration was also apparent for the SDNA, HAMAP, BRBA and DMNA breeds.

NetView was used to represent the genetic structure of the dataset along a gradient of k values (from 2 to 100), allowing for the investigation of a range of structures, from fine scale population structures, revealed by a small value of k , to large scale population structures, revealed by a large value of k (see Fig. 2). As individuals showing F_{IS} value > 0.1 were removed from the analysis (see)¹⁵, we were led to remove the Barbarine (BRBA) breed, which was then only represented by three individuals. The simulated data network was based on a minimum spanning tree. At fine scale (Fig. 2a, $k = 15$) the topology of the network showed the existence of four homogeneous clusters

	SDNA	BERA	RMBA	BRBA	DMNA	OLDA	HAMA	HAMAP	TZGA	BIGM	SRDM	OLDM	DMNM
SDNA													
BERA	[0.036–0.041] 0.038												
RMBA	[0.036–0.040] 0.038	[–0.000–0.003] 0.001											
BRBA	[0.059–0.062] 0.060	[0.021–0.026] 0.023	[0.021–0.024] 0.022										
DMNA	[0.041–0.044] 0.042	[0.032–0.036] 0.034	[0.032–0.037] 0.035	[0.052–0.058] 0.055									
OLDA	[0.037–0.039] 0.038	[0.002–0.006] 0.004	[–0.002–0.002] 0.000	[0.022–0.025] 0.023	[0.034–0.037] 0.035								
HAMA	[0.032–0.036] 0.034	[0.001–0.004] 0.002	[0.001–0.003] 0.002	[0.022–0.026] 0.024	[0.031–0.034] 0.032	[0.001–0.002] 0.001							
HAMAP	[0.077–0.082] 0.080	[0.049–0.053] 0.051	[0.050–0.054] 0.052	[0.071–0.075] 0.073	[0.080–0.085] 0.082	[0.050–0.054] 0.052	[0.043–0.046] 0.045						
TZGA	[0.096–0.100] 0.098	[0.064–0.068] 0.066	[0.064–0.068] 0.066	[0.085–0.091] 0.087	[0.097–0.102] 0.098	[0.064–0.068] 0.066	[0.060–0.064] 0.062	[0.111–0.118] 0.113					
BIGM	[0.032–0.036] 0.034	[–0.001–0.002] 0.001	[–0.001–0.002] 0.002	[0.021–0.025] 0.022	[0.030–0.035] 0.032	[0.001–0.004] 0.002	[–0.002–0.000] –0.000	[0.048–0.053] 0.051	[0.064–0.069] 0.067				
SRDM	[0.032–0.035] 0.034	[0.003–0.005] 0.004	[0.004–0.006] 0.005	[0.027–0.031] 0.029	[0.031–0.033] 0.029	[0.005–0.007] 0.006	[0.002–0.004] 0.003	[0.048–0.052] 0.050	[0.064–0.067] 0.065	[0.001–0.003] 0.002			
OLDM	[0.034–0.037] 0.036	[0.000–0.004] 0.002	[–0.000–0.002] 0.001	[0.021–0.025] 0.022	[0.030–0.033] 0.031	[0.000–0.003] 0.002	[–0.000–0.001] 0.001	[0.048–0.052] 0.050	[0.062–0.067] 0.065	[–0.002–0.001] 0.000	[0.003–0.005] 0.004		
DMNM	[0.026–0.029] 0.028	[0.001–0.003] 0.002	[0.001–0.004] 0.002	[0.022–0.025] 0.023	[0.025–0.028] 0.026	[0.002–0.004] 0.003	[0.002–0.003] 0.002	[0.047–0.051] 0.049	[0.061–0.065] 0.063	[–0.002–0.000] –0.001	[0.003–0.005] 0.004	[0.000–0.003] 0.001	
TMHM	[0.033–0.036] 0.035	[0.002–0.005] 0.003	[0.003–0.006] 0.004	[0.026–0.029] 0.027	[0.031–0.033] 0.032	[0.004–0.006] 0.005	[0.002–0.003] 0.002	[0.045–0.049] 0.047	[0.062–0.065] 0.063	[0.000–0.002] 0.001	[0.002–0.003] 0.002	[0.002–0.004] 0.003	[0.002–0.003] 0.002

Table 1. Pair-wise F_{ST} between Algerian and Moroccan breeds. *In bold values with two zeros after the decimal point. BERA = Berber; BRBA = Barbarine; DMNA = D’Man from Algeria; DMNM = D’Man from Morocco; HAMA = Hamra; BIGM = Beni-Guil; HAMAP = Hamra form pilot farms; OLDA = Ouled-Djellal from Algeria; OLDM = Ouled-Djellal from Morocco; RMBA = Rembi; SDNA = Sidaoun; SRDM = Sardi; TMHM = Timahdite; TZGA = Tazegzawth.

corresponding to Sidaoun (SDNA), Algerian D’Man (DMNA), Tazegzawth (TZGA) and Algerian preserved Hamra (HAMAP). It was interesting to note that HAMAP was closely linked to one HAMA individual (Algerian Hamra sampled in private farm). Most of the other individuals were highly interconnected. At $k = 25$ (Fig. 2b), Algerian D’Man (DMNA) was connected (i) with the central and admixed core, *via* a Moroccan D’Man (DMNM) individual, (ii) and on another side, with the Sidaoun (SDNA) cluster. At $k = 75$ (Fig. 2c), clear connections appeared between Algerian D’Man (DMNA) and Sidaoun (SDNA); moreover only Tazegzawth (TZGA) individuals remained unlinked to the central core. The connection of TZGA to the central core was only observed at $k = 100$ (Fig. 2d) and *via* a Berber (BERA) individual (*i.e.* a breed reared in Kabyle mountains as TZGA). The tree based on Allele-Sharing Distance (ASD) distance between individuals (Fig. S2) also showed genetic relatedness between a number of individuals belonging to Sardi and D’Man breeds (*i.e.* Moroccan breeds).

The characteristics of ROH, were used as source of information about demographic history. Given the limited size of some samples, the purpose of the ROH and IBD segment analyses (see next paragraph) was not to study each breed according to the values obtained, but to assess the extent to which strong patterns, *i.e.* clear splits between groups of breeds, were also highlighted by these methods. Indeed, plotting the number of ROHs found for each individual genome against ROH total size (Fig. 3) revealed a clear separation between two groups: in the first group (Fig. 3a) of eight breeds (*i.e.* a group containing the DMNA breed plus all breeds, except DMNM and SRDM, that were identified by the previous analyses of F_{ST} , Admixture and NetView as belonging to the “homogeneous” group), most individuals carried few and short ROHs. The 50 K SNP panel did not detect any ROH in Beni-Guil (BIGM, called Hamra in Algeria), Hamra sampled in private Algerian farms (HAMA), Algerian Ouled-Djellal population (OLDA) and Rembi (RMBA). Such profiles are characteristic of genetically diverse and most probably admixed populations^{16,17}. The second group (Fig. 3b), included Barbarine (BRBA), Tazegzawth (TZGA), the preserved Algerian Hamra population (HAMAP), Sidaoun (SDNA) (*i.e.* all of the breeds identified by the previous analyses, F_{ST} , Admixture and NetView, as belonging to the “non-homogeneous” group, except

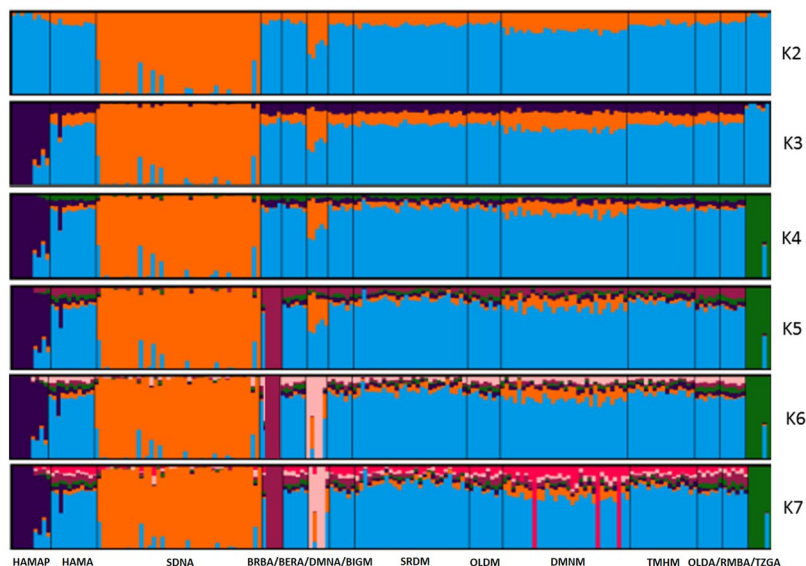


Figure 1. Bayesian clustering performed with ADMIXTURE software on Moroccan and Algerian sheep. K = number of clusters; HAMAP = Hamra form pilot farms; HAMA = Hamra; BIGM = Beni-Guil; SDNA = Sidaoun; BRBA = Barbarine; BERA = Berber; OLDA = Ouled-Djellal from Algeria; OLDM = Ouled-Djellal from Morocco; DMNA = D'Man from Algeria; DMNM = D'Man from Morocco; SRDM = Sardi; TMHM = Timahdite; RMBA = Rembi; TZGA = Tazegzawth.

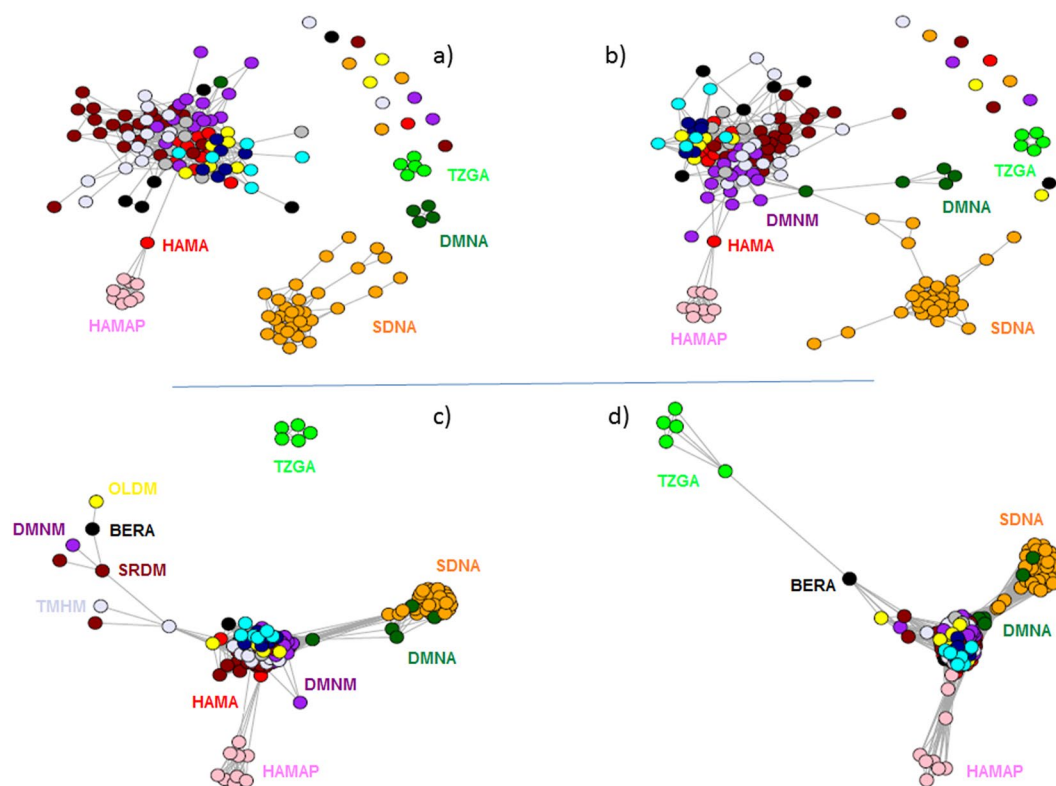


Figure 2. Mutual nearest-neighbour graphs obtained from NetView and considering the following k values: k = 15 (a), k = 25 (b), k = 75 (c) and k = 100 (d). Color shades represent different sheep breeds. HAMAP = Hamra form pilot farms; HAMA = Hamra; SDNA = Sidaoun; BERA = Berber; OLDM = Ouled-Djellal from Morocco; DMNA = D'Man from Algeria; DMNM = D'Man from Morocco; SRDM = Sardi; TMHM = Timahdite; TZGA = Tazegzawth.

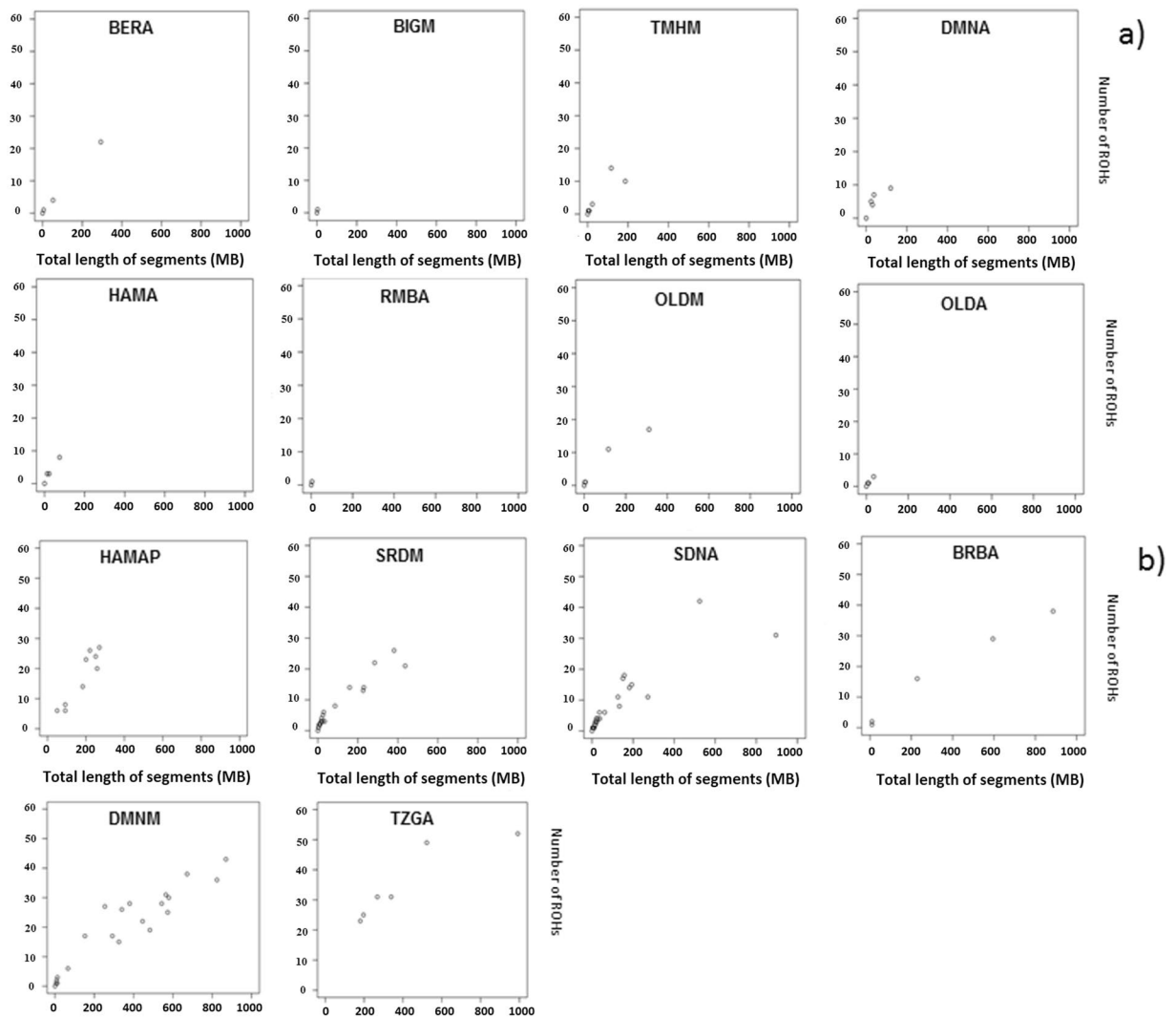


Figure 3. Runs of homozygosity (ROH) identified for Moroccan and Algerian sheep breeds. The number of ROHs found for each individual genome (y-axis) is plotted against ROH total size (i.e. the number of Kb covered by ROH in each genome, x-axis); (a) breeds in which ROH length was close to zero, (b) others. HAMAP = Hamra form pilot farms; HAMA = Hamra; BIGM = Beni-Guil; SDNA = Sidaoun; BRBA = Barbarine; BERA = Berber; OLDA = Ouled-Djellal from Algeria; OLDM = Ouled-Djellal from Morocco; DMNA = D’Man from Algeria; DMNM = D’Man from Morocco; SRDM = Sardi; TMHM = Timahdite; RMBA = Rembi; TZGA = Tazegzawth.

DMNA), and also Sardi (SRDM), and the Moroccan D’Man population (DMNM). This second group was characterized by a higher number of ROHs. Tazegzawth (TZGA) showed several long ROH fragments, a pattern characteristic of recent inbreeding, resulting in $F_{ROH} > 0.1$ for four individuals out of the six considered (Table S2). Similarly, long ROH fragments were detected in Barbarine and F_{ROH} showed very high values (i.e. 0.22 and 0.34) for two of the five individuals. The Hamra subpopulation, preserved in Algerian pilot farms (HAMAP), received special attention through the analysis of the ROH distribution according to their size (Fig. 4). For this breed, ROH showed a rather uniform distribution for the short and intermediate length categories. Such a pattern is characteristic of an isolated population that is based on a source population of quite large size, whereas a different pattern showing an overrepresentation of short ROHs would have been the signature of a strong population bottleneck^{18,19}. Moreover, the low abundance of long ROHs suggests that management practices have been used to avoid inbreeding for HAMAP, which was confirmed by the F_{ROH} values (Table S2). We further noted recent inbreeding for the Moroccan D’Man population (DMNM), indeed ROH size distribution was relatively uniform for classes between 5 and 25 Mb whereas a peak revealed very high values for extremely long ROHs (>30 Mb). The F_{ROH} consideration indicated that 43% of individuals showed a high value (i.e. $F_{ROH} > 0.1$) (Table S2).

IBD segments analysis (Table 2) revealed that all the breeds except Tazegzawth (TAZ), the preserved Hamra population (HAMAP) and the Algerian D’Man population (DMNA), were characterized by absence or quasi absence of IBD segments. It is worth noting that Sidaoun (SDNA) also contained almost no IBD segments. For comparison purposes, similar analyses were conducted on Italian local breeds (i.e. breeds standardized during the

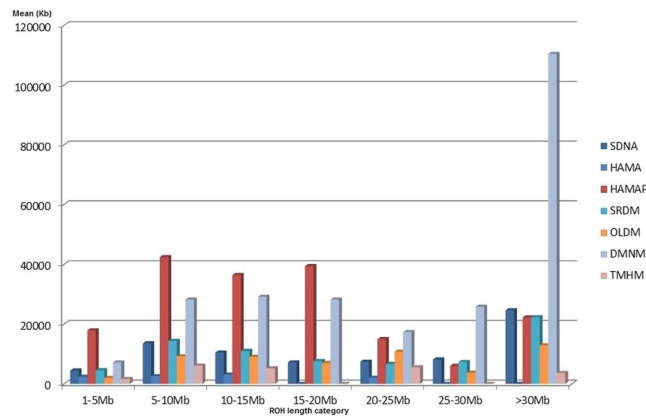


Figure 4. Classification of ROHs in seven categories (x-axis) according to size (from 1 to 5 Mb to more than 30 Mb) and mean sum of ROHs (y-axis, measured in kilobases) within each ROH category and averaged per breed. We analyzed sheep breed from Algeria and Morocco. Results were not presented for breed with sample size ≤ 6 . HAMAP = Hamra from pilot farms; HAMA = Hamra; SDNA = Sidaoun; OJDM = Ouled-Djellal from Morocco; DMNM = D'Man from Morocco; SRDM = Sardi; TMHM = Timahdite.

Breeds	Nb. of animals	Nb. of IBD segments	Nb. of IBD segment/ Nb. animals	% IBD segment intra-breed	% IBD segment inter-breed	Mean length (SD) Mb
Hamra from Algerian pilot farms	10	456	45.6	100	0	14.11 (11.14)
Tazegzawth	5	245	49*	100	0	14.92 (9.87)*
D'Man from Algeria	5	19	3.8*	100	0	14.06 (8.50)*
Ouled-Djellal from Algeria	6	1	0.17*	100	0	4.99 (–)*
Sidaoun	36	4	0.11	100	0	9.91 (5.19)
Sardi	24	1	0.04	100	0	8.45 (–)
Timahdite	16	7	0.44	29	71	7.15 (1.78)
Berber	6	0	—	—	—	—
Beni-Guil	6	0	—	—	—	—
Barbarine	3	0	—	—	—	—
D'Man from Morocco	17	0	—	—	—	—
Hamra	10	0	—	—	—	—
Ouled-Djellal from Morocco	8	0	—	—	—	—
Rembi	6	0	—	—	—	—

Table 2. Number and lengths of IBD segments. Nb., number of individuals considered (*i.e.* individuals showing F_{IS} values > 0.1); SD, Standard Deviation; *values given as an indication, since the limited size of the samples biases the average estimates.

20th centuries) and South-West Asian breeds (see Supplementary Text 1 and 2) highlighting a clear relationship between the occurrence of admixture and a decrease, in number and length, of IBD segments.

The co-ancestry heatmap (Fig. 5) obtained with CHROMOPAINTER/fineSTRUCTURE presents the number of shared haplotypes (“chunks”) between Algerian and Moroccan individuals. As recommended by Van Dorp *et al.*²⁰ individuals showing high values of F_{IS} (> 0.1) were excluded from the analysis. The individuals belonging to the Sidaoun (SDNA) and Algerian D'Man (DMNA) breeds clustered and were separated from the other populations on the basis of shared haplotypes. The Tazegzawth (TZGA) and Algerian preserved Hamra (HAMAP) breeds (and one HAMA sheep, *i.e.* the same individual who was identified in the Netview analysis, Fig. 2) were also clearly individualized as animals showing the highest number of genomic shared chunks in the dataset, whereas the remaining breeds appeared clearly admixed. When considering Sidaoun (SDNA) in more detail, it turns out that the number of chunks shared within the breed was significant but that these shared haplotypes were also characterized by their relatively small size (matrix of chunk length not shown), which accounts for the fact that the previous IBD analysis did not detect them (Table 2).

In the spatial PCA analyses using Delaunay triangulation as connection networks, the consideration of eigenvalues suggested the possible occurrence of a spatial pattern, as the three first positive scores were distinguished from other eigenvalues (Fig. 6b). The global Monte Carlo test (10,000 iterations) indicated significant global spatial structure (p -value = 0.009). The Mantel test showed no significant correspondence between geographic and genetic distances (p -value = 0.07). Indeed, while the north constituted a largely homogeneous block, individuals separated by more than 2000 km appeared very close from a genetic point of view. The eigenvectors of the three first global scores plotted according to the geographical coordinates indicated a clear homogeneity of the

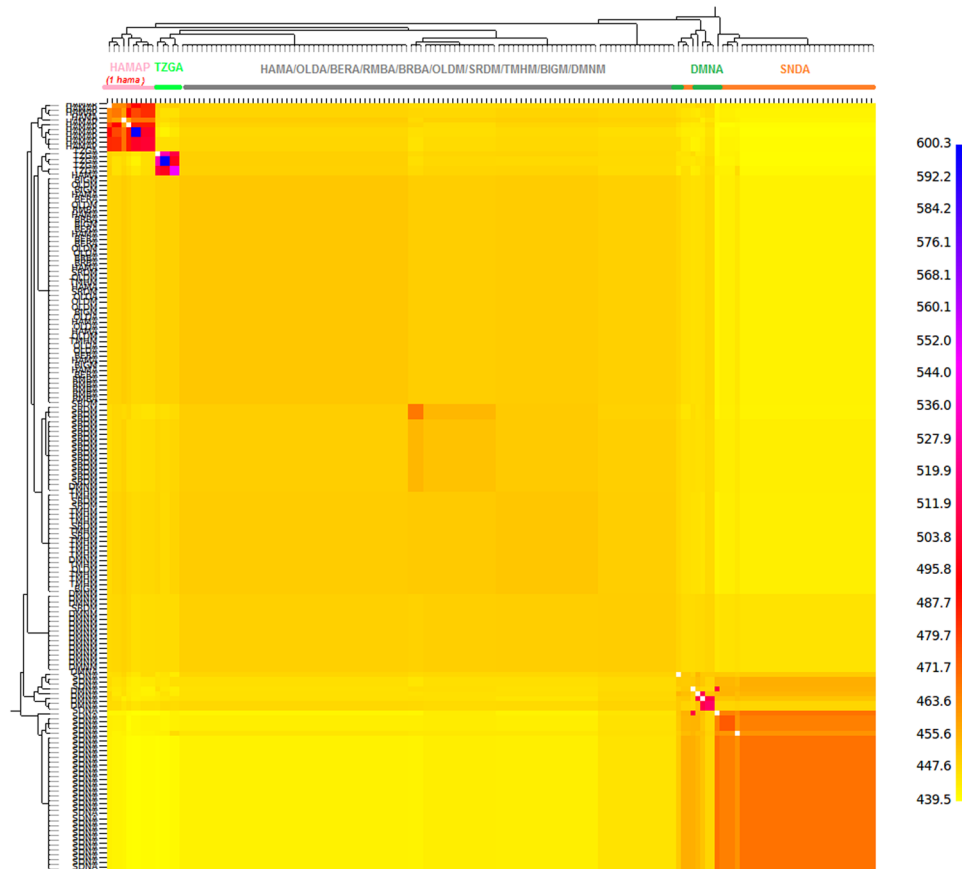


Figure 5. FineSTRUCTURE clustering for Algerian and Moroccan sheep breeds. The color of each bin in the matrix indicates the number of “genomic chunks” copied from a donor (column) to a recipient individual (row). HAMAP = Hamra form pilot farms; HAMA = Hamra; BIGM = Beni-Guil; SDNA = Sidaoun; BRBA = Barbarine; BERA = Berber; OLDA = Ouled-Djellal from Algeria; OLDM = Ouled-Djellal from Morocco; DMNA = D’Man from Algeria; DMNM = D’Man from Morocco; SRDM = Sardi; TMHM = Timahdite; RMBA = Rembi; TZGA = Tazegzawth.

Northern stock (*i.e.*, Moroccan and Northern-Algeria sheep) with the Hamra preserved in pilot farms (HAMAP) and Tazegzawth (TZGA) as exceptions (Fig. 6a). The first coordinate highlighted the contrast of Sidaoun (SDNA) and Barbarine (BRBA) with the other breeds (Fig. 6c) and the second coordinate highlighted the separate position of the Tazegzawth (TZGA) (Fig. 6d).

Discussion

This study provides the opportunity to assess genetic diversity in several traditional sheep breeds in the Maghreb, a region which constitutes a coherent unit from geographical and historical perspective.

All of the analyses revealed a high level of genetic homogenization for most breeds, irrespective of their origin. More specifically, the breeds affected by this phenomenon were Ouled-Djellal (populations from Morocco and Algeria), Timahdite, Sardi, Hamra/Beni-Guil (populations from Morocco and Algerian private farms, but not those from Algerian state farms), D’Man (the population from Morocco but not the population from Algeria), Rembi and Berber. We observed a strong spatial pattern with two major areas identified. The first one was the Northern area, corresponding to the major part of Morocco and the Northern part of Algeria delimited to the South by steppe. This area appeared homogeneous for all the breeds previously mentioned except for two differentiated breeds, *i.e.* the Hamra breed preserved in pilot farms and the Tazegzawth breed from the Kabyle Mountains. The second area identified was the Southern area, including breeds from the Sahara and Oriental Great Erg regions, *i.e.* the Sidaoun and Barbarine breeds. This second area appeared clearly differentiated from the Northern one.

Chromopainter analysis showed that breeds in the homogeneous group, clustered together and shared few genetic chunks (haplotypes). The characteristics of ROHs, used as sources of information about the demographic history of the breeds^{18,19,21} gave rise to consistent conclusions. Indeed, most of the breeds mentioned above were characterized by a very limited number of ROHs with very small sizes. In particular, four of them, Rembi, Ouled-Djellal from Algeria and Beni-Guil/Hamra from Morocco and private Algerian farms, were characterized by the quasi absence of ROH, clearly indicating admixture^{16,17}. Moreover, these breeds were characterized by extremely few or no IBD segments, what was shown to also be a signature of genetic homogenization (see Supplementary Text 1 and 2). Indeed, it seems likely that strong and continuous admixture, in small ruminants

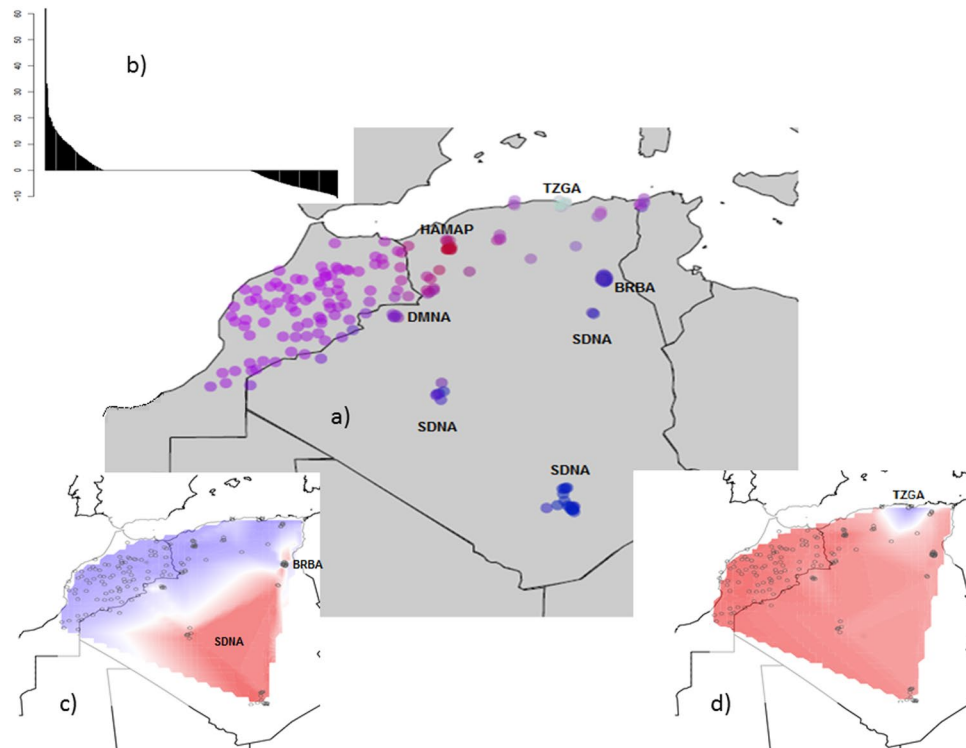


Figure 6. Spatial PCA (sPCA) Analysis of Algerian and Moroccan sheep breeds (a); eigenvalues for each global and local axis (positive and negative eigenvalues indicate global and local structures, respectively) (b); first global score of sPCA (c); second global score of sPCA (d). HAMAP = Hamra form pilot farms; SDNA = Sidaoun; BRBA = Barbarine; DMNA = D'Man from Algeria.

(characterized by relatively short generation time) breaks up contiguous genomic blocks resulting in very small haplotypes.

Among the breeds identified as being genetically differentiated from other breeds, our analysis appeared to show that the Tazegzawth breed, reared by Kabyle people in geographically isolated conditions, is threatened by inbreeding (see ROH analysis). These results were not surprising given that the breed accounts for less than 0.02% (*i.e.* a few hundred heads) of the present-day Algerian sheep stock. In contrast, the Sidaoun breed, reared by Touareg people, did not appear to be affected by inbreeding. This breed was genetically differentiated from the other studied breeds (as shown by *e.g.* sPCA, Admixture, NetView or F_{ST} analyses), but would have experienced a significant level of admixture with breeds/populations not considered in this study. Indeed, the Chromopainter and IBD segments analyses reveal a very particular profile for this breed with quite a large number of intra-breed shared segments, but with such segments characterized as being relatively small in size. Further investigations will be needed, for example focusing on the genetic relationship between this breed and the Malian sheep stock, which is thought to be the cradle of the Sidaoun breed. Another southern breed, the Barbarine, a transboundary breed related to the Tunisian Barbarine (*i.e.* the main breed in Tunisia), showed clear genetic distinctness. This fat-tail breed originates from West-Asia, which may explain its genetic distance from all other breeds considered in this study. Analyses of ROH (distribution and F_{ROH}) raised concerns about possible inbreeding problems, however, only examination of a larger sample could lead to robust conclusions. Such conclusions would not be surprising if we consider the size reductions suffered by the Algerian Barbarine population in recent decades. Indeed, whilst the fat tail of the Algerian Barbarine sheep means that the animal is remarkably well adapted to arid environments, this same trait hinders the animal's marketability²², its slaughter quality being considered as diminished because of it (the amount of caudal fat can be 2 to 4 kg, which is not marketable). The Algerian Barbarine breed has therefore lost the interest of breeders, who have abandoned it in favor of the Ouled-Djellal breed²³. The effect of this preference among Algerian breeders is so significant that the analysis of information contained in the DAGRIS database (<http://dagris.ilri.cgiar.org/>) now indicates that the Barbarine breed is in danger of being “absorbed by Ouled-Djellal” in Algeria.

Focusing on transboundary breeds, it is interesting to note that the genetic specificity of Algerian D'Man, sampled from state farms that have been tasked with breed preservation, was not observed in Moroccan samples, which were collected in private farms. In the Moroccan population, many very long stretches of ROH revealed strong levels of recent inbreeding for a number of individuals. This breed, which is highly adapted to oasis environments and is encountered in Morocco and Algeria, has a probable Moroccan origin. Indeed, its Algerian name is “mouton Filali” suggesting that the cradle of the breed could well be Tafilalet (in Morocco). The French agronomist G. Toutain²⁴, lamented, even as far back as 1979, the lack of due attention given to this breed, which he qualified as a “genetic treasure” shaped by traditional practices over centuries. In particular, when making

those comments Toutain regretted that the Merino breed was being considered as good candidate to introduce in the oases. An investigation of archive records might provide a way to trace the history of this breed and thereby understand the process that led to the breed's present-day genetic dilution.

In our study another transboundary breed, Hamra/Beni-Guil, was sampled from different sources, with samples taken both in Morocco and in Algeria, and in different types of farms (pilot farms that have been tasked with preserving the breed, and private farms). The study of this breed through these different populations has been particularly instructive. Among the three sample sites, only sheep reared in the Algerian pilot farms appeared not to be genetically diluted (with also one individual sampled in an Algerian private farm). The main state farm in charge of the preservation of the Hamra breed (Algeria), gathered its initial herd at the end of the 1980s. Since then, a few carefully selected progenitors from private farms have occasionally been introduced into the initial core, over the years. Moreover, a strict breeding program was devised to prevent inbreeding. All the genetic results were in accordance with the management practices reported for the pilot farm as they showed (i) a pattern of short to intermediate ROH sizes, which is a pattern specific to that of a population that is isolated but that is nonetheless based on a source population of significant size^{18,19} (*i.e.* not a pattern that indicates a strong bottleneck effect), (ii) a low abundance of long ROHs suggesting management practices avoiding inbreeding. Taking all of these elements into account, we can assume that Hamra's dilution has probably intensified over the past 30 years. Indeed the pilot state farms were established at that time, yet they have visibly allowed for the preservation of at least part of the genetic specificity of the breed, even if the founding effect experienced when the farm was created undoubtedly led to a reduction in genetic diversity. This hypothesis is largely supported by various anthropological studies. These have shown that over the last few decades there has been a significant intensification of crossing practices between Ouled-Djellal and this breed in private farms: Bechchari *et al.*²⁵ described an "invasion phenomenon" characterized by a growing number of Ouled-Djellal in Beni-Guil herds. According to interviews conducted by Bechchari *et al.*²⁵, it seems that the expansion of the Ouled-Djellal breed is mainly the result of the sedentarization and intensification of agriculture, *i.e.*, breeders, who are under increasing pressure to improve productivity, favor Ouled-Djellal for its market value. These results were confirmed by Brisebarre²⁶ who, moreover, reported massive inflows of Ouled-Djellal originating from Algeria. A figure of 200,000 to 500,000 heads of Ouled-Djellal (depending on the interviewed source) was estimated have been illegally entering Morocco each year²⁶.

If we consult the historical archives, we learn that it has long been recognised that the Hamra breed is an ancient one, belonging to a stock that was passed down within a tribe from one generation to the next, and that this practice likely originated with the Zénète people. The breed's geographic isolation is also related to the specific geological features of the Oran plateau where it lives²⁷. The strong local adaptation of this breed, with respect to climate, vegetation and disease resistance, was emphasised as far back as 1891, in a report commissioned by the General Governor of Algeria²⁸, which concluded that introduction of other breeds to this territory and the crosses induced would jeopardize the survival capacity of the Hamra breed.

Moreover, it may be noted that this breed, called "Le petit Oranais" by the settlers, was particularly appreciated in France for its organoleptic qualities and conformation. This breed of sheep was therefore particularly affected by the sheep export activities in Algeria, with the animals transported live by boat. At the end of the 19th century, it is estimated that this trade, from Algeria to France²⁹, involved more than one million sheep heads per year (all breeds considered). Today, the main pilot farm responsible for the breed's preservation keeps 600 sheep or 1% of the total number of Hamra heads in Algeria. Since 1980 the Moroccan government has implemented countrywide a so-called "sheep strategy", under which most of the country has been divided into cradles of the main breeds. In these areas, breed phenotypic standardization was highly favored and measures were taken to limit gene flows³⁰. Our study did not identify any preserved areas from a genetic point of view. However, it should be stated that our sampling design in Morocco did not focus on the cradle of breeds, contrary to the Algerian sampling.

If we refer to the historical archives, it appears that the colonial period in the region's history probably contributed significantly to the expansion of the Ouled-Djellal breed. Indeed, at the end of the 19th century, studies commissioned by the colonial government concluded that the "white breed" of the steppes was the breed on which all efforts should focus^{31,32}. The aim of the settlers was to drastically increase the number of sheep by promoting this breed through various means (steppe development and irrigation works, creation of "model" farms, *etc.*), with guidelines explicitly recommending the elimination of breeds considered useless, of poor quality, or judged "abnormal" with regard to their conformation (the Berber and the Barbarian breeds were the ones that were mainly affected by such guidelines).

The diversity pattern of the Maghrebin sheep appears very similar to that revealed by Ouchene-Khelifi *et al.*³³ in their study looking at the Maghrebin goat in the same area. Indeed, the results of this goat study also showed very weak genetic structuration among Moroccan breeds (*i.e.* Black, Draa, Nord) and the most widespread of the Algerian breeds (*i.e.* Arabia). Despite the breeds being from different geographical origins (*i.e.* Black from Morocco is Berber type and Arabia from Algeria is Sahelian type), they appeared quite indistinct from each other from a genetic perspective (*i.e.* mean F_{ST} was of 0.005 [0.004–0.006]_{IC95%} considering the four breeds together). Two breeds were distinguished from this main homogeneous group: the Algerian ancestral Kabyle and M'Zabite breeds, which have both been reared in isolated conditions, due to social and political factors, since ancient times. In order to assess how the patterns observed in Maghrebin small ruminants were influenced by migration processes, outward from centers of domestication, we examined the results provided by Colli *et al.*³⁴ for goats. Considering the 12 African countries for which at least two local breeds were genotyped by country (*i.e.* a total of 37 breeds, distributed from north to south across the continent), it can be seen that of the 703 pair-wise F_{ST} calculated, only 12 showed values lower than 0.01 and none of them had a value lower than 0.006. These results postulate for a clear structuring of African goat breeds, whatever the migration routes considered, with occasional cases of more intense gene flows, generally occurring between two breeds. The data currently available do not allow for a study looking specifically at breeds of sheep in Africa. However, Gaouar *et al.*¹² observed that, out of a total of 4460 pair-wise F_{ST} values, and considering Algerian and worldwide breeds (from Kijas *et al.*³⁵) all together,

instances of particularly low pair-wise F_{ST} values were only found for Algerian breeds and Australian Merino populations (*i.e.* strains of Merino that are not breeds as such). Thus, to our knowledge, as things currently stand, it seems unlikely that the genetic homogenization identified is an effect that results from ancestral migration processes (given that the F_{ST} values are outside the norm and affect no less than seven breeds, in a geographical area covering more than several hundred thousand km²).

Maghrebin breeds are representative of traditional breeds more generally, that, worldwide, are a cornerstone of the rural economies on which smallholder farmers and herders rely. These Maghrebin breeds were not standardized during the 20th century, unlike European breeds, and therefore they continue to show intra-breed phenotypic diversity. They could be qualified as landrace breeds, representing an initial stage of breed development, with a genetic specificity mainly resulting from the combination of founder effects, isolation and natural selection. As emphasized by Sponenberg *et al.*³⁶ isolation, resulting from geographic factors, but also from social practices (*e.g.* tribe organization) and political contexts, represents a key factor for the development and the preservation of the genetic integrity of landrace breeds. In the Maghreb, such isolation has been disturbed, inducing the genetic homogenization observed in most Maghrebin sheep breeds. In recent decades, motorized transport has certainly played an important role in increasing long-distance gene flow.

In conclusion, our study highlights a strong homogenization of the Maghreb sheep stock affecting the major part of Morocco and most of Northern Algeria. We still lack information regarding the scale at which this phenomenon of homogenization might be occurring worldwide. However, the observation of such a phenomenon clearly calls into question the integrity of farm animal genomic resources represented by these local breeds, whose conservation is of critical importance for the development of livestock breeding in the context of global changes².

Material and Methods

Ethics statement. Samples were collected by veterinarians during routine blood sampling, for medical care or follow up, such that no ethical authorization was required. All the samples and data processed in our study were obtained with the breeders and breeding organizations' consent.

Breeds. We studied ten Algerian and Moroccan breeds representing most of the local breeds for this area. Three transboundary breeds were sampled in both countries: Ouled-Djellal, Hamra (Algerian name)/Beni-Guil (Moroccan name) and D'Man. Most of the breeds were "wooled thin-tailed sheep", but the D'Man breed belongs to the "mixed hair-wool sheep" group, Sidaoun to the "hairy sheep" group and Barbarine was the only "fat-tailed" breed in our study. Algerian breeds were described by Gaouar *et al.*^{11,12}. Supplementary Table 1 provides essential information about the breeds studied.

The geographical distribution of the breeds based on their cradle of origin, as described in the 1990s by Chellig³⁷ for Algeria and by Boujenane³⁸ for Morocco, is presented in Fig. S3. This distribution reflects a pattern described by French settlers at the beginning of the 19th century, responsible for drawing up an inventory of the country's wealth. In addition, the consultation of several historical archives^{14,24,27,28,31,32,39–41} made it possible to record essential information about these landrace breeds, which have been extensively described by zootechnicians and agronomists, including: (i) phenotypic traits specific to the different breeds (neckline shape, coat colour, wool quality, *etc.*); (ii) detailed descriptions of the areas occupied by the breeds (vegetation, topography, *etc.*), and of the geographical factors implying a more or less extensive isolation of the populations; (iii) history and breeding practices of the tribes that have maintained the traditional breeds; (iv) crossbreeding experiments undertaken by the settlers with imported breeds but also between local breeds. A general observation was the strong consistency of the genetic material within the indigenous breeds as evidenced by the heritability of the characteristic traits.

Sampling design. The whole dataset included 46 Algerian samples from Gaouar *et al.*¹², 87 Moroccan samples provided by the NextGen project (Grant Agreement no. 244356), plus 47 Algerian samples genotyped specially for this study (*i.e.* 14 additional samples of the Hamra breed and 33 additional samples of the Sidaoun breed). If we consider the case of the Hamra breed: previously available genotypes¹² ($n = 6$) were only representative of one Algerian pilot farm (Aïn El Hadjar). With the further sampling, 3 samples from two other Algerian state farms and 11 samples from private farms were added to the dataset. The sampling design was developed in such a way that it was possible to study the trajectories of different populations of the same breed. The sheep were sampled, as much as possible, from different flocks in order to limit relatedness among individuals and optimize representativeness of breeds. In cases where several samples were obtained from the same farm, the choice was based on the pedigree documentation (if available) and/or genealogical information provided by the breeder. For a few breeds only few samples were available, but this did not affect the robustness of the results, as almost all analytical methods used were based on the consideration of individuals (the very few calculations based on average values were reported only as being of indicative value in the case of small samples). Moreover, we used the Weir & Cockerham F_{ST} estimator for quantifying differentiation between breeds, since in contrast to the Reynolds' distance it is not significantly biased by a small sample size provided that, as in our case, the number of markers used is large^{42,43}.

Genotyping and SNP quality control. Blood samples were cryo-preserved until DNA extraction and analysis were carried out. Genomic DNA was purified from whole blood by protease K digestion and a salting-out procedure⁴⁴. All Algerian animals were genotyped for 54,241 SNPs, using the Illumina[®] Ovine SNP50 BeadChip (Illumina, Inc.), following standard operating procedures recommended by the manufacturer. Genotyping was performed by the Van Haeringen Laboratorium (Wageningen, The Netherlands). Moroccan SNP data were extracted from the WGS variation using the Ovine SNP50 BeadChip coordinates of SNPs on the OAR v3.1

reference genome assembly using Vcftools⁴⁵. High concordance between 12× re-sequencing data and the Ovine SNP50 BeadChip was demonstrated in sheep by Benjelloun *et al.*⁴⁶. Moroccan and Algerian datasets were merged, and SNPs and animals were pruned with PLINK v1.07⁴⁷ using the following filtering out parameters: (i) SNP call rate $\leq 97\%$, (ii) SNP minor allele frequency (MAF) $\leq 1\%$, (iii) animals displaying $\geq 10\%$ of missing genotypes.

Data analysis. *Genetic diversity, runs of homozygosity and segments of identity-by-descent (IBD).* Inbreeding coefficient (F_{IS}) per individual was assessed in each breed using PLINK. Runs of homozygosity (ROHs) were identified with PLINK using a sliding windows approach. The fraction of 50 SNP-windows that were almost completely homozygous (*i.e.* allowing: one heterozygous SNP, five missing genotypes and a maximum gap of 1000 kb) was calculated following recommendations of Manunza *et al.*¹⁹. Indeed, it has been shown that this approach (*i.e.* considering windows of SNPs that are not completely homozygous) is more powerful in detecting truly autozygous segments⁴⁸. To reduce the occurrence of spurious runs of homozygosity (ROHs), the minimum number of SNPs required to constitute a ROH was estimated using the method proposed by Lencz *et al.*⁴⁹. The inbreeding coefficient based on ROH (F_{ROH})⁵⁰ was calculated by dividing total ROH length per individual by total autosomal SNP coverage (2.44 Gb).

BEAGLE 4.1⁵¹ was used for detection of IBD segments. The *ibdtrim* parameter was set to 40. Segments with a LOD score < 4 and a length shorter than 0.5 cM were excluded. Individuals showing F_{IS} values > 0.1 were excluded from analyses.

Genetic structure. The extent of population subdivision was examined by calculating pair-wise F_{ST} values of Weir and Cockerham⁵² and the associated 95% confidence intervals using Genetic Data Analysis (GDA) software⁵³.

We used the network-based approach implemented in NetView v.1.1^{15,54} available in R. This visualization tool allows for the analysis of complex genetic structure *via* the construction of population networks through mutual *k*-nearest neighbours thresholds applied to genome-wide SNPs. PLINK was used to construct the initial ASD matrix (*-distance-matrix*, *i.e.* 1 - Identity by Similarity). As recommended by Neuditschko *et al.*¹⁵, the dataset was first subjected to quality control (*i.e.* minor allele frequency < 0.01) and significant deviation from Hardy–Weinberg equilibrium ($P < 0.001$). We explored the data in a range of *k* (*i.e.* parameter determining the number of mutual nearest neighbours) from 2 to 100 that was determined following recommendation of Neuditschko *et al.*¹⁵ with the “selection plot” function.

A tree based on ASD distance between individuals and a NeighborNet graph based on F_{ST} genetic distance were constructed using Splitree⁵⁵.

ADMIXTURE software⁵⁶ was used to investigate the relationship between sheep breeds. ADMIXTURE was run for $K = 2$ through $K = 14$, and ten independent runs were performed for each value of *K*. The program CLUMPAK⁵⁷ available at <http://clumpak.tau.ac.il>, was used to analyze the multiple independent runs at a single *K* and visualize the results.

The approach of fineSTRUCTURE⁵⁸ based on haplotypes was also used. The dataset was filtered and phased using SHAPEIT ver. 2⁵⁹. We used CHROMOPAINTER⁵⁸ to analyze the painted dataset in order to identify homogenous clusters. Visualization of the posterior distribution of clusters was then performed using the tree-building algorithm of fineSTRUCTURE.

Spatial analysis of Principal Components (sPCA) was performed with the R⁶⁰ package ADEGENET⁶¹, using the Delaunay triangulation as connection network⁶². Monte Carlo tests were used to check the statistical significance of spatial structures (global and/or local spatial structure) for 10,000 iterations. The sPCA results were visualized by plotting the samples according to their geographic coordinates and coloring them according to their respective scores along the third first sPCA components.

Data Availability

Genotypes obtained with the Illumina Ovine SNP50 BeadChip (genotype files and markers files by chromosomes) for Sidaoun and Hamra breeds in a Plink format are available from the Dryad Digital Repository, <https://doi.org/10.5061/dryad.24p1k82>.

References

1. FAO. Characterization and value addition to local breeds and their products in the Near East and North Africa – Regional Workshop, Rabat, Morocco, 19–21 November 2012. Animal Production and Health Report No. 3. Rome (2014).
2. Bruford, M. W. *et al.* Prospects and challenges for the conservation of farm animal genomic resources, 2015–2025. *Front Genet* **6**, 314 (2015).
3. FAO. The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, Ed. by Scherf, B. D. & Pilling, D. FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments. Rome (2015).
4. Shrestha, J. N. B. Conserving domestic animal diversity among composite populations. *Small Ruminant Research* **56**, 3–20 (2005).
5. Scherf, B., Rischkowsky, B., Pilling, D. & Hoffmann, I. The state of the world's animal genetic resources. 8th Wrld Congr. Gen. Appl. to Livest. Prod., Belo Horizonte, M. G., Brazil, p. 13–18 (2006).
6. Hassan, F. A., Blench, R. M. & MacDonald, K. C. Climate and cattle in North Africa: a first approximation. The origins and development of African livestock: archaeology, genetics, linguistics and ethnography, London UCL Press, p. 61–86 (2000).
7. Taberlet, P. *et al.* Are cattle, sheep, and goats endangered species? *Mol. Ecol.* **17**, 275–284 (2008).
8. MATET (Ministère de l'Aménagement du Territoire, de l'Environnement et du Tourisme). Quatrième rapport national sur la mise en œuvre de la convention sur la diversité biologique au niveau national. Alger, Algérie (2009).
9. Madani, T., Yakhlef, H. & Abbache, N. Les races bovines, ovines, caprines et camelines. In: Abdelguerfi, A. & S.A. Ramdane. Evaluation des besoins en matière de renforcement des capacités nécessaires à la conservation et l'utilisation durable de la biodiversité importante pour l'agriculture en Algérie, Alger (2003).
10. Djaout, A. *et al.* Etat de la biodiversité des «races» ovines Algériennes. *Genetics and Biodiversity. Journal* **1**, 1–16 (2017).
11. Gaouar, S. B. S. *et al.* Admixture and Local Breed Marginalization Threaten Algerian Sheep Diversity. *Plos One* **10**, e0122667 (2015).
12. Gaouar, S. B. S. *et al.* Genome-wide analysis highlights genetic dilution in Algerian sheep. *Heredity (Edinb)* **118**, 293–301 (2016).
13. Mason, I. L. A Dictionary of Livestock Breeds (1969).

14. Couput, M. Espèce Ovine, Laine et Industrie Lainière. Ed. Pour l'exposition Universelle De 1900, Section Algérie de M. Couput, directeur du Service des bergeries (1900).
15. Neuditschko, M., Khatkar, M. S. & Raadsma, H. W. NetView: a high-definition network-visualization approach to detect fine-scale population structures from genome-wide patterns of variation. *PLoS ONE* **7**, e48375 (2012).
16. Ai, H., Huang, L. & Ren, J. Genetic Diversity, Linkage Disequilibrium and Selection Signatures in Chinese and Western Pigs Revealed by Genome-Wide SNP Markers. *PLoS ONE* **8**, e56001 (2013).
17. Upadhyay, M. R. *et al.* Genetic origin, admixture and population history of aurochs (*Bos primigenius*) and primitive European cattle. *Heredity* **118**, 169–176 (2017).
18. Purfield, D. C., Berry, D. P., McParland, S. & Bradley, D. G. Runs of homozygosity and population history in cattle. *BMC Genetics* **13**, 70 (2012).
19. Manunza, A. *et al.* A genome-wide perspective about the diversity and demographic history of seven Spanish goat breeds. *Genet Sel Evol* **48** (2016).
20. Van Dorp, L. *et al.* Evidence for a Common Origin of Blacksmiths and Cultivators in the Ethiopian Ari within the Last 4500 Years: Lessons for Clustering-Based Inference. *PLoS Genet.* **11**, e1005397 (2015).
21. Bosse, M. *et al.* Regions of Homozygosity in the Porcine Genome: Consequence of Demography and the Recombination Landscape. *PLoS Genet* **8** (2012).
22. Ben Gara, A. Définition des objectifs de la sélection des ovins de race Barbarine en Tunisie. In: Gabiña D. (ed.) Analysis and definition of the objectives in genetic improvement programs in sheep and goats. An economic approach to increase their profitability. Zaragoza: CIHEAM, p. 111–116 (2000).
23. Chekkal, F. *et al.* Guide de caractérisation phénotypique des races ovines de l'Algérie. Ed. CRSTRA (2015).
24. Toutain, G. De la Recherche au Développement - éléments d'Agronomie Saharienne, Ed. INRA, 279 p (1979).
25. Bechchari, A., El Aich, A., Mahyou, H., Baghdad, M. & Bendaou, M. Analyse de l'évolution du système pastoral du Maroc oriental. *Revue d'Élevage et de Médecine Vétérinaire des pays Propicaux* **67**, 4 (2015).
26. Brisebarre, A. Races ovines, systèmes d'élevage et représentations des éleveurs, in Bonte P., Elloumi M., Guillaume H. & Mahdi M. (dir.), Développement rural, environnement et enjeux territoriaux. Regards croisés Oriental marocain et Sud-Est tunisien. Tunis, Cérès Ed., p. 63–78 (2009).
27. Sagne, J. L'Algérie pastorale, ses origines, sa formation, son passé, son présent, son avenir. Préface de Pierre Jore d'Arces. Ed.: Alger, Imprimerie Fontana (1950).
28. Mathieu, M. & Trabut, L. Les hauts plateaux Oranais, rapport de mission. *Alger* (1891).
29. Lebaudy, G. De la steppe aux alpages. La transhumance des moutons africains. In Berbères de rives en Rêves, Abbaye de Daoulas, Finistère, p. 118–128 (2008).
30. MARA. Plan Moutonnier. Rabat, Maroc, Direction de l'Élevage (1980).
31. Cambon, J. Le pays du mouton: des conditions d'existence des troupeaux sur les hauts-plateaux et dans le sud de l'Algérie. Ouvrage publié par ordre de J. Cambon, Gouverneur Général de l'Algérie. Alger, typographie Giralt (1893).
32. Viger, A. Etude sur la question ovine en Algérie. Imprimerie typographique et lithographique G. Mont-Louis, Clermont-Ferrand (1892).
33. Ouchene-Khelifi, N.-A. *et al.* Genetic homogeneity of North-African goats. *PLoS ONE* **13**, e0202196 (2018).
34. Colli, L. *et al.* Genome-wide SNP profiling of worldwide goat populations reveals strong partitioning of diversity and highlights post-domestication migration routes. *Genet Sel Evol* **50**, 58 (2018).
35. Kijas, J. W. *et al.* Genome-Wide Analysis of the World's Sheep Breeds Reveals High Levels of Historic Mixture and Strong Recent Selection. *PLOS Biology* **10**, e1001258 (2012).
36. Sponenberg, D. P. & Bixby, D. E. Managing Breeds for a Secure Future: Strategies for Breeders and Breed Associations. ALBC (2007).
37. Chellig, R. Les races ovines Algériennes. Office des Publications Universitaires. Alger, p. 1–80 (1992).
38. Boujenane, I., Ait Bihi, N. & Bou Kallouche, A. Amélioration génétique des ovins au Maroc. In: Gabiña D. (Ed.). Strategies for sheep and goat breeding. Zaragoza: CIHEAM. *Cahiers Options Méditerranéennes* **11**, 109–119 (1995).
39. Sanson, A. Les moutons. Histoire naturelle et zootechnie. Quatrième édition. Ouvrage orné de 56 gravures. Paris, Librairie agricole de la maison rustique (1885).
40. Velu, H. Deux ans d'expérimentation à la ferme de Ain Djema. Les Journées Marocaines du Mouton. Casablanca, 13–15 octobre (1934).
41. Couvreur, G. La vie pastorale dans le Haut Atlas Central. *Revue de Géographie du Maroc* **13**, 347 (1968).
42. Nazareno, A. G., Bemmels, J. B., Dick, C. W. & Lohmann, L. G. Minimum sample sizes for population genomics: an empirical study from an Amazonian plant species. *Molecular Ecology Resources* **17**, 1136–1147 (2017).
43. Willing, E.-M., Dreyer, C. & van Oosterhout, C. Estimates of genetic differentiation measured by FST do not necessarily require large sample sizes when using many SNP markers. *PLoS ONE* **7**, e42649 (2012).
44. Miller, S. A., Dykes, D. D. & Polesky, H. F. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res* **16**, 1215 (1988).
45. Danecek, P. *et al.* The variant call format and VCFtools. *Bioinformatics* **27**, 2156–2158 (2011).
46. Benjelloun, B. Diversité des génomes et adaptation locale des petits ruminants d'un pays méditerranéen: le Maroc. Thèse de Doctorat. Biodiversité, Ecologie, Environnement. Université Grenoble Alpes. Grenoble, France, 207p (2015).
47. Purcell, S. *et al.* PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Am. J. Hum. Genet.* **81**, 559–575 (2007).
48. Howrigan, D., Simonson, M. & Keller, M. Detecting autozygosity through runs of homozygosity: a comparison of three autozygosity detection algorithms. *BMC Genomics* **12**, 460 (2011).
49. Lencz, T. *et al.* Runs of homozygosity reveal highly penetrant recessive loci in schizophrenia. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **104**, 19942–19947 (2007).
50. McQuillan, R. *et al.* Runs of homozygosity in European populations. *Am J Hum Genet.* **83**, 359–372 (2008).
51. Browning, S. R. & Browning, B. L. Rapid and Accurate Haplotype Phasing and Missing-Data Inference for Whole-Genome Association Studies By Use of Localized Haplotype Clustering. *Am J Hum Genet.* **81**, 1084–1097 (2007).
52. Weir, B. S. & Cockerham, C. C. Estimating F-Statistics for the Analysis of Population-Structure. *Evolution* **38**, 1358–1370 (1984).
53. Lewis, P. O. & Zaykin, D. Genetic data analysis. Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0. Lewis Labs, Univ. of Connecticut, Storrs, C. T., (1999).
54. Steinig, E. J., Neuditschko, M., Khatkar, M. S., Raadsma, H. W. & Zenger, K. R. Netview p: a network visualization tool to unravel complex population structure using genome-wide SNPs. *Mol. Ecol. Resour.* **16**, 216–227 (2016).
55. Huson, D. H. SplitsTree: analyzing and visualizing evolutionary data. *Bioinformatics* **14**, 68–73 (1998).
56. Alexander, D. H., Novembre, J. & Lange, K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research* **19**, 1655–1664 (2009).
57. Kopelman, N. M., Mayzel, J., Jakobsson, M., Rosenberg, N. A. & Mayrose, I. Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Mol. Ecol. Resour.* **15**, 1179–1191 (2015).
58. Lawson, D. J., Hellenthal, G., Myers, S. & Falush, D. Inference of Population Structure using Dense Haplotype Data. *PLoS Genet* **8**, e1002453 (2012).
59. Delaneau, O., Marchini, J. & Zagury, J.-F. A linear complexity phasing method for thousands of genomes. *Nat. Methods* **9**, 179–181 (2012).

60. R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <http://www.R-project.org/> (2013).
61. Jombart, T. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* **24**, 1403–1405 (2008).
62. Upton, G. J. & Fingleton, B. Spatial data analysis by example, volume 1: Point pattern and quantitative data. Wiley, Toronto Singapore, Brisbane, New York, Chichester (1985).

Acknowledgements

The authors acknowledge the local farmers for their involvement in data collection, as well as D. Benlaichi and Y. Baci for their valuable assistance in the field. The assistance of ITELV and pilot farms, as well as discussions with A.M. Brisebarre, G. Lebaudy, P. Vidal, A. Bechchari and M. Ibnelbachyr were very helpful and appreciated. We also thank A. Djaout, A. Laoun, R. El-Bouyahiaoui and A. Boubekour for sharing their field experiences with us. The calculations presented in this article were performed on the CALI calculator of the University of Limoges, funded by the Limousin region, the European Union, the XLIM institutes, IPAM, GEIST, and the University of Limoges. This work was supported by the European Union 7th framework project NEXTGEN (Grant Agreement no. 244356), as regards Moroccan data.

Author Contributions

A.D.S. conceived the study, performed the analyses and drafted the manuscript. B.B., M.L. and F.P. conceived the study and contributed to the writing of the manuscript. I.B., A.O. and B.B. contributed to the analyses and performed sampling. S.B.S.G., A.R.B., S.H. and H.O.O. performed sampling in Algeria. J.A.L. contributed to the analyses and the text. V.B. and A.H. contributed to the conception of the study. E.C. contributed to the writing of the manuscript. D.T.-M. carried out all the analysis work from the historical archives. All authors reviewed and approved the final manuscript.

Additional Information

Supplementary information accompanies this paper at <https://doi.org/10.1038/s41598-019-44137-y>.

Competing Interests: The authors declare no competing interests.

Publisher's note: Springer Nature remains neutral with regard to jurisdictional claims in published maps and institutional affiliations.



Open Access This article is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License, which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source, provide a link to the Creative Commons license, and indicate if changes were made. The images or other third party material in this article are included in the article's Creative Commons license, unless indicated otherwise in a credit line to the material. If material is not included in the article's Creative Commons license and your intended use is not permitted by statutory regulation or exceeds the permitted use, you will need to obtain permission directly from the copyright holder. To view a copy of this license, visit <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>.

© The Author(s) 2019

