

République Algérienne Démocratique Populaire

وزارة التعليم العالي و البحث العلمي

Ministère de l'Enseignement Supérieure et de la Recherche Scientifique

Université des Sciences et de la Technologie d'Oran « Mohamed Boudiaf »



Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie

Département de Génétique Moléculaire Appliquée

Spécialité : Génétique moléculaire et cellulaire **Option :** Biologie moléculaire

THESE

Présentée par

Mademoiselle MAHAMMI Fatima Zohra

En vue de l'obtention du

Diplôme de DOCTORAT LMD

Thème

**Caractérisation phénotypique et moléculaire des
populations de poules locales (*Gallus gallus domesticus*)
de l'Ouest Algérien**

Soutenue le 14 / 05 /2015 devant la commission d'examen composée de :

<u>Qualité</u>	<u>Nom et Prénom</u>	<u>Grade</u>	<u>Etablissement d'origine</u>
Président	Mr. DJABEUR Abderrezak	Professeur	USTO-MB (Oran)
Examineur	Mr. BOUDJEMA Abdellah	Professeur	USTO-MB (Oran)
Examineur	Mr. SAHRAOUI Tewfik	Professeur	Université d'Oran
Examinatrice	Mme ZEMANI-FODIL Faouzia	Maître de conf. A	USTO-MB (Oran)
Directeur de thèse	Mr. GAOUAR Semir Bechir Suheil	Maître de conf. A	Université de Tlemcen
Co-directrice de thèse	Mme SAIDI-MEHTAR Nadhira	Professeur	USTO-MB (Oran)
Invitée	Mme TABET-AOUEL Nacera	Maître de conf. A	Université d'Oran

“If an egg is broken by outside force, life ends. If broken by inside force, life begins. Great things always begin from inside.”

- Jim Kwik -

*A mes parents, de plus profond de mon cœur ;
Avec ma sublime affection ;
Je vous dois tout.*

*A mes sœurs, de tout mon cœur ;
Vous êtes ma joie et mon soutien.*

*A ma famille et
A mes amis*

Remerciements

Et voilà, cinq années se sont écoulées, depuis le début de ce projet de thèse, pleines d'activités, des hauts et des bas et de l'enrichissement en tous points. De la mise en œuvre de ce travail je ressors un peu plus grandie, enrichie par cette expérience de recherche et les rencontres faites, organisées ou imprévues, et toujours bénéfiques. Ces années seront aussi des années de vécu et de souvenirs incomparables. Aujourd'hui, c'est avec un réel plaisir, une immense fierté et un bonheur intense que je vous présente l'accomplissement de ces années de travail à la fois fascinantes et exigeantes.

A l'issue de la rédaction de cette thèse, il me faut remercier toutes les personnes qui m'ont permis de mener à bien ce travail, que ce soit sur le terrain, à la paillasse, dans la réflexion, ou tout simplement par leur présence quotidienne. Les quelques lignes qui suivent ne suffiront pas à exprimer la profonde gratitude que je ressens à l'égard de toutes ces personnes.

Je remercie tout particulièrement M^{me} SAIDI-MEHTAR Nadhira, pour m'avoir fait confiance, pour avoir suivi constamment et activement la progression de mon travail, pour la très grande rigueur scientifique qu'elle inspire et pour la grande intention et soutien qu'elle a accordé à l'équipe de recherche de « biodiversité et gestion des ressources animale ». Je lui exprime ma profonde et respectueuse gratitude.

Je remercie vivement M^r GAOUAR Semir Bechir Suheil, pour son encadrement depuis mon Master, pour ses compétences, ses qualités scientifiques et humaines, son dynamisme, ses idées et conseils précieux et ses discussions constructives. Et surtout pour la confiance qu'il m'a accordée tout au long de ce travail et pour sa patience. Son encadrement m'a permis de mener à bien ce travail. Je tiens à lui assurer de ma profonde gratitude.

Je suis très honoré à remercier de la présence à mon jury de thèse et je tiens à remercier :

M^r. DJABEUR Abderrezak d'avoir accepté de présider le jury de cette thèse. Veuillez croire en mon éternel respect et ma sincère gratitude.

M^r. BOUDJEMA Abdallah qui m'a fait l'honneur d'accepter de juger mon travail et dont son enseignement et sa passion resteront des exemples pour moi.

M^r. SAHRAOUI Tewfik qui a eu la gentillesse d'accepter de juger mon travail. Veuillez accepter Monsieur le témoignage de ma reconnaissance et de mon respectueux hommage.

M^{me} ZEMANI-FODIL Faouzia de l'honneur qu'elle me fait en acceptant la charge d'examinatrice de ma thèse. La grande estime et admiration que je lui porte m'ont naturellement conduit à solliciter son jugement.

M^{me} TABET-AOUL Nacera, pour l'intérêt qu'elle a manifesté en participant en qualité de membre invité à ce jury, pour son soutien moral et pour la lecture et la correction de tous mes manuscrits. Ainsi que pour ses conseils et ses encouragements qui ne m'ont jamais fait défaut. Veuillez accepter Madame le témoignage de ma gratitude et de mon profond respect.

Je tiens à exprimer mes sincères remerciements à M^{me} TIXIER-BOICHARD Michèle, pour l'intérêt qu'elle a porté à mon travail, pour les conseils et les encouragements, pour l'organisation de mes stages à GABI et à LABOGENA et pour le temps qu'elle m'a accordé pour discuter mes résultats. Je la remercie notamment pour avoir su trouver du temps pour lire mes manuscrits malgré son emploi de temps suffisamment chargé et pour les corrections aussi pertinentes et valorisantes. Cette thèse ne serait sans doute pas ce qu'elle est sans sa collaboration. Avec toute mon admiration, Sincères remerciements.

Je tiens à exprimer toute ma reconnaissance à l'équipe "Populations, Statistique et Génome (PSGen)" de l'unité de recherche "Génétique Animale et Biologie Intégrative (GABI)" de l'INRA de Jouy-en-Josas, France, où j'ai réalisé une grande partie des analyses statistiques, je remercie spécialement :

M^r. ROGNON Xavier pour l'aide apportée à l'utilisation de certains logiciels de génétique des populations, pour toutes les explications et les éclaircissements ainsi pour les corrections enrichissantes du manuscrit de mon deuxième l'article.

M^r LALOE Denis, pour l'aide apportée pour la réalisation des analyses statistiques multivariées, pour les longues séances de travail, les explications et la documentation fournie sur le logiciel R. C'est grâce à lui que je suis devenu fan de ce logiciel ! Je lui remercie aussi pour sa grande gentillesse.

M^r LEROY Grégoire et M^{me} ZERJAL Tatiana pour l'aide précieuse lors de l'analyse de la structuration des populations par le logiciel Structure, ainsi pour leur gentillesse et leurs conseils.

J'exprime aussi mes vifs remerciements à toute l'équipe du LABOGENA, où j'ai réalisé le génotypage de mes échantillons par séquenceur automatique, mes remerciements s'adressent à tout le personnel pour la très bonne intégration au sein de l'équipe et pour tous les bons moments que j'ai passés avec eux, je remercie spécialement :

M^{me} BOSCHER Marie-Yvonne, ex-directrice de LABOGENA, pour la confiance qu'elle m'a accordée pour réaliser un mois de stage au sein de ce laboratoire, en mettant à ma disposition tous le matériel et les réactifs nécessaires pour le génotypage de mes échantillons d'ADN.

M' FAUGERAS Rémy qui a bien accepté de m'accorder du temps pour réaliser au mieux mon stage, de m'avoir formé à la technique de génotypage par séquenceur automatique et la lecture des résultats par le logiciel GeneMapper.

Je remercie également M' BALICCHI Julien, pour sa générosité à partager ses connaissances, ce qui m'a permis d'acquérir le logiciel R ; Merci pour les longs emails explicatifs répondant à toutes mes questions et pour l'aide apportée pour l'analyse multivariée des données morpho-biométriques.

J'aimerais remercier également tous les éleveurs qui ont accepté de participer à cette étude pour leur accueil lors de mes visites imprévues. Je remercie également tous les personnes qui m'ont aidé à réaliser l'enquête sur le terrain, l'étape la plus difficile de mon travail de thèse.

J'exprime aussi mes vifs remerciements à toute l'équipe du laboratoire de Génétique Moléculaire appliquée, Université des Sciences et de la Technologie d'Oran (Mohamed BOUDIAF). Merci à tous mes collègues pour tous les bons moments partagés, un merci précieux à l'adorable MOGHTIT Fatima Zohra et à CHERIFI Youcef Amine.

Un grand hommage à tous mes enseignants, depuis l'école primaire à l'université, qui m'ont donné le goût des études. Aujourd'hui beaucoup plus qu'avant je reconnais à quel point leur tâche est pénible !

Grand merci à ma famille et mes amis pour leur soutien continu et nécessaire et leur encouragement. Merci surtout à mes parents et mes sœurs qui m'ont tant soutenu et que j'ai tant fatigués... Merci pour la patience... Merci de me remettre à chaque fois en confiance quand le doute s'installe ...

Merci enfin à tous ceux que j'aurais oublié de citer ici et qui normalement le mériteraient...

Résumé

Dans le but de contribuer à la caractérisation des populations de poules locales algériennes, des enquêtes sur le terrain ont été menées dans dix wilayas de l'Ouest algérien regroupées en trois zones agro-écologiques : littoral (LT), plaines intérieures (PI) et hauts plateaux (HP). D'après ces enquêtes, les femmes sont les principales responsables des élevages avicoles, elles utilisent le revenu modeste de ce type d'exploitation pour répondre à certaines charges de leurs maisons et enfants. Les poules sont élevées dans des conditions médiocres et par conséquent leur productivité est faible. La caractérisation phénotypique de 334 poules locales, échantillonnées durant les enquêtes, a permis de révéler une grande diversité phénotypique qui est due à la présence d'un certain nombre de mutations à effet visible. Les mensurations corporelles considérées (poids corporel, longueur des tarse et des barbillons, diamètre des tarse et hauteur des crêtes) confirment le dimorphisme sexuel connu pour cette espèce avec des valeurs de poids corporel significativement plus élevées chez le mâle (1817 ± 297 g) que chez la femelle (1335 ± 227 g). Les statistiques exploratoires appliquées sur l'ensemble des caractères phénotypiques (qualitatifs et quantitatifs), montrent que les trois écotypes LT, PI, HP, sont semblables.

Pour plus de précisions concernant la diversité génétique des poules locales, 233 spécimens ont été génotypés avec un panel de 23 marqueurs microsatellites. Huit lignées commerciales ont été incluses dans l'étude pour étudier une éventuelle introgression des gènes de ces lignées dans le pool de gènes local. Deux populations de poules sauvages rouges de la jungle ont également été rajoutées pour comparer la gamme de la diversité entre les oiseaux domestiques et sauvages. Pour l'ensemble des populations étudiées, un total de 236 allèles a été détecté, avec une moyenne de 10,26 allèles par locus. Une grande variabilité génétique est observée au sein de la population algérienne qui a présenté un total de 184 allèles, dont 35 lui-sont spécifiques, et une valeur d'hétérozygotie ($H_o = 0,557$) intermédiaire entre celles observées chez les populations de poules sauvages (H_o varient entre 0,601 et 0,687) et les lignées commerciales (H_o varient entre 0,244 et 0,51). Bien que l'analyse de la structuration des écotypes algériens n'a pas révélé de sous populations, l'approche supervisée, en utilisant des données de la localisation géographique des individus, a montré une différenciation faible (2,56) mais significative ($P < 0,01$) entre les poules des trois écotypes. Ainsi, la diversité génétique des écotypes algériens peut être sous l'influence de deux facteurs ayant des effets contradictoires : l'emplacement géographique peut induire une certaine différenciation tandis que le niveau élevé des échanges et des flux de gènes peut la supprimer. L'originalité de la poule locale de l'Ouest algérien est menacée, un degré d'introgression non négligeable des gènes des souches commerciales au niveau du pool de gènes local a été détecté. Cette introgression peut être due aux croisements non déclarés avec des poulets commerciaux. Il est de ce fait recommandé de mettre en œuvre un programme de gestion et d'amélioration des ressources génétiques des poules locales algériennes.

Mots clés : poules locales, diversité génétique, caractérisation phénotypique, caractérisation moléculaire, microsatellites.

Abstract

In order to contribute to the characterization of Algerian local chicken populations, field surveys were conducted in ten wilayas (departments) of West Algeria grouped into three agro-ecological regions: coastal (CT), internal plains (IP) and highlands (HL). According to these surveys, women were primarily responsible for poultry farms and used the modest income from of this activity to respond to some expenses for their family. The chickens were raised in poor conditions and, consequently, their productivity was low. Phenotypic characterization of 334 local chickens sampled during investigations, revealed a large phenotypic diversity due to the presence of a number of visible effect mutations. Recorded body measurements (body weight, leg length, wattle length, leg diameter, and comb height) confirmed the sexual dimorphism known in chickens, with significantly higher values for body weight in males (1817 ± 297 g) than in females (1335 ± 227 g). Exploratory statistics applied on all the phenotypic characteristics (qualitative and quantitative), showed that the three ecotypes LT, IP, HP, were almost the same.

For more information on the genetic diversity of local chickens, 233 chickens was genotyped with a panel of 23 microsatellite markers. Eight reference populations were included in the study to investigate potential gene flow in local pool gene. Two populations of wild red jungle fowls were also added and genotyped to compare the range of diversity between domestic and wild fowls. For the full population, 236 alleles were detected, with an average of 10.26 alleles per locus. High genetic variability was observed in the Algerian population who presented 184 alleles, of which 35 are specific, and a heterozygosity value ($H_o = 0.557$) intermediate between those observed in jungle fowl populations (H_o varies between 0.601 and 0.687) and commercial lines (H_o varies between 0.244 and 0.51). Although the structuring analysis of genotypes did not reveal clear subpopulations within Algerian ecotypes, the supervised approach using geographical data showed a low (2.56) but significant ($P < 0.01$) differentiation between the three ecotypes. Thus, the genetic diversity of Algerian ecotypes may be under the influence of two factors with contradictory effects: the geographical location and climatic conditions may induce some differentiation whereas the high level of exchanges and gene flow may suppress it. The originality of the local chicken of West Algeria is endangered; Evidence of introgression between commercial and Algerian local populations has been detected. This introgression may be due to undeclared crossing with commercial chickens. Therefore, it is recommended to implement a management and improvement programs for safeguarded the genetic diversity of genetic resources of Algerian local chickens.

Keywords: local chickens, genetic diversity, phenotypic characterization, molecular characterization, microsatellites.

المخلص

من أجل المساهمة في توصيف عشائر الدجاج المحلي بالجزائر أجرينا تحريا ميدانيا في عشر ولايات من الغرب الجزائري. تنتمي هذه الولايات إلى ثلاث مناطق زراعية إيكولوجية (منطقة الساحل (LT)، منطقة السهول الداخلية (PI) ومنطقة المرتفعات (HP)). وفقا لهذه الدراسة الاستقصائية وجدنا أن المرأة هي المسؤولة الأساسية عن مزارع الدواجن، وأن الدخل المنخفض المتحصل عليه من هذا النوع من العمليات يستعمل بالدرجة الأولى لتلبية بعض نفقات المنزل والأطفال. لكن نتيجة لتربية الدجاج المحلي في ظروف سيئة فإن إنتاجيته منخفضة. من جهة أخرى فإن التوصيف المظهري لـ 334 دجاجة محلية كشف عن تنوع مظهري واسع. يعود هذا الأخير لوجود عدد من الطفرات ذات التأثير المرئي. أما قياسات الجسم المأخوذة من الدجاج المعاین (وزن الجسم، طول وقطر الساق، طول الدالية وارتفاع العرف) فقد أكدت ازدواج الهيئة الجنسي المعروف عند هذا النوع من الطيور، حيث لاحظنا فرقا كبيرا بين قيم وزن الجسم عند الذكور (297 ± 1817 غرام) وعند الإناث (227 ± 1335 غرام). الإحصاءات الاستكشافية التي تم تطبيقها باستعمال مجموع الخصائص المظهرية (النوعية والكمية)، بينت أن الطرز البيئية الثلاثة: HP، IP، LT، لا يمكن تمييزها عن بعضها البعض.

لمزيد من المعلومات حول التنوع الوراثي للدجاج المحلي، أجري تمييط جيني لـ 233 دجاجة محلية باستعمال 23 واسما من نوع الميكروساتيليت. أدرجت في هذه الدراسة ثمانية سلالات تجارية بهدف التحقيق في الانجبال الداخلي المحمل لجينات هذه السلالات في مجموع جينات عشيرة الدجاج المحلي. ثم أيضا إضافة عشيرتين من طيور الغابة البرية الحمراء وذلك لمقارنة مدى التنوع بين الطيور الداجنة والطيور البرية. في مجموع العشائر المدروسة تم الكشف عن 236 أليل بمعدل 10,26 أليل في الموقع الوراثي، كما لوحظ مستوى عالي من التباين الوراثي داخل عشيرة الدجاج المحلي للغرب الجزائري والتي ضمت ما مجموعه 184 أليل منها 35 أليل خاص، ومستوى هجونة (H_o) مقدر بـ 0.55 وهي قيمة وسيطة بين تلك التي لوحظت عند عشائر الدجاج البري (بين 0.601 و 0.687) وعند السلالات التجارية (بين 0.244 و 0.51). من جهة أخرى، فإنه على الرغم من أن تحليل هيكل الطرز البيئية الجزائرية لم يكشف عن وجود تجمعات، فإن التقنية الموجهة، باستخدام بيانات عن الموقع الجغرافي للأفراد أظهرت نسبة تمايز منخفضة (2.56) لكنها مهمة ($P < 0.01$) بين أفراد دجاج الطرز البيئية الثلاثة. وهكذا، فإن التنوع الجيني للطرز البيئية الجزائرية قد يكون تحت تأثير عاملين لها آثار عكسية: الموقع الجغرافي يمكن أن يحدث التمايز في حين أن التبادلات المتعددة وتدفق الجينات يمكن أن يحدفه. أخيرا، لاحظنا ان أصالة الدجاج المحلي للغرب الجزائري مهددة، حيث تم الكشف عن درجة كبيرة من الانجبال الداخلي لجينات سلالات التجارية في مجموع جينات الدجاج المحلي. قد يكون سبب هذا الانجبال الداخلي عمليات تصالب غير مصرح بها مع الدجاج التجاري. لذا فإنه من الضروري إنشاء برنامج إدارة وتحسين للموارد الوراثية للدجاج المحلي في الجزائر.

الكلمات المفتاحية: الدجاج المحلي، التنوع الوراثي، التوصيف المظهري، التوصيف الجزيئي، ميكروساتيليت.

Production scientifique

Ce travail de thèse a fait l'objet de deux publications internationales et des communications nationales et internationales :

Publications internationales :

1. Mahammi F.Z., Gaouar S.B.S., Tabet-Aoul, N., Tixier-Boichard, M. & Saïdi-Mehtar, N., 2014. Caractéristiques morpho-biométriques et systèmes d'élevage des poules locales en Algérie occidentale (Oranie). Cahiers Agricultures. 23, 1-11.
2. Mahammi F.Z., Gaouar S.B.S., Laloë D., Faugeras R., Tabet-Aoul, N., Rognon X., Tixier-Boichard, M. & Saïdi-Mehtar, N., 2015. A molecular analysis of the patterns of genetic diversity in local chickens from western Algeria in comparison with commercial lines and wild jungle fowls. Journal of Animal Breeding and Genetics. In press.

Communication nationale :

1. Mahammi F. Z., Construction d'une première biothèque ADN des populations de poules locales algériennes. Premières Journées de Génétique Moléculaire Appliquée. USTO-MB, Oran, Algérie, 4 et 5 décembre 2011.

Communications internationales :

1. Gaouar S., Mahammi F. Z., Maldji M., Boushaba N., Tabet-Aoul N et Saïdi-Mehtar N. Caractérisation phénotypique et zootechnique des populations de poules locales dans le Nord-Ouest de l'Algérie et étude du polymorphisme de l'ADN pour le microsatellite MCW0041. Premier Séminaire International sur l'Alimentation et Qualité Nutritionnelle (AQN2009), Tlemcen, Algérie, 8-9 décembre 2009.
2. Mahammi F. Z. Etude de la diversité génétique des poules locales algériennes. Premier séminaire international dédié à l'Agriculture biologique et au Développement durable (AGRIBIO2011), Oran, Algérie, 12 et 15 février 2011.
3. Mahammi F. Z., Gaouar S., Maldji M., Boushaba N., Tabet-Aoul N et Saïdi-Mehtar N. Caractérisation phénotypique et zootechnique des populations de poules locales dans le nord-ouest de l'Algérie. Troisième édition du Congrès International Amélioration de la Production Agricole APA3, Settat, Maroc, 17-18 mars 2011.
4. Mahammi F. Z., Gaouar S., Tabet-Aoul N. & Saïdi-Mehtar N. Etude de l'état d'élevage de la poule locale en Algérie. 10èmes Journées des Sciences Vétérinaires « La filière avicole : développement & promotion », Ecole Nationale Supérieure Vétérinaire (ENSV), Alger, Algérie, 27 & 28 mai 2012.

5. Mahammi F. Z., Gaouar S., Tabet-Aoul N. & Saidi-Mehtar N. Contribution à l'étude de la diversité génétique des poules locales algériennes. Deuxième Symposium de la Recherche en Sciences Avicoles, université de Batna, Batna, Algérie, 17-18 octobre 2012.
6. Mahammi F. Z., Gaouar S., Tabet-Aoul N. & Saidi-Mehtar N. Diversité phénotypique des poules locales en Algérie. Deuxième Conférence Internationale de l'Association Tunisienne de Taxonomie « Biodiversité et Sécurité Alimentaire », Hammamet, Tunisie, 26- 27- 28 Avril 2013.
7. Mahammi F. Z., Gaouar S., Tabet-Aoul N. & Saidi-Mehtar N. Evaluation de la diversité phénotypique de l'espèce *Gallus gallus domesticus* dans les zones semi-arides de l'Algérie. 11èmes Journées Internationales des Sciences Vétérinaires (JISV), 30 novembre & 01 décembre 2013.
8. Mahammi F. Z., Gaouar S., Tabet-Aoul N. & Saidi-Mehtar N. L'utilisation d'un marqueur microsatellite pour l'évaluation de la diversité génétique des poules locales en Algérie. 11èmes Journées Internationales des Sciences Vétérinaires (JISV), 30 novembre & 01 décembre 2013.
9. Mahammi F. Z., Gaouar S., Tabet-Aoul N. & Saidi-Mehtar N. Evaluation de la biodiversité de l'espèce *Gallus gallus domesticus* dans les zones semi-arides de l'Algérie. Séminaire Internationale sur l'Élevage et la Faune sauvage dans les zones Arides et Désertiques, SIEFAD2014, Djerba, Tunisie 16-18 Décembre 2014.

Table des matières

Liste des figures	I
Liste des tableaux	III
Liste des annexes	IV
Liste des abréviations.....	V
Introduction générale.....	1
Objectifs du travail de thèse.....	5
Revue bibliographique.....	8
Chapitre I. Notions générales.....	9
1. Biodiversité	9
2. Diversité génétique.....	10
3. Facteurs influençant la dynamique de la diversité.....	10
3.1. Mutation.....	10
3.2. Dérive génétique.....	11
3.3. Migration	13
3.4. Sélection	13
4. Ressources génétiques animales.....	14
5. Notion d'espèce, de population et de race.....	15
6. Classification des populations animales domestiques	16
Chapitre II. Approches de caractérisation des ressources génétiques animales	18
1. Enquête sur le terrain et échantillonnage.....	18
2. Caractérisation phénotypique	19
3. Caractérisation moléculaire	20
3.1. Caractéristiques d'un bon marqueur moléculaire.....	21
3.2. Marqueurs microsatellites	21
3.3. Polymorphismes nucléotidiques simples	24
3.4. Marqueurs de l'ADN mitochondrial.....	25
3.5. Indicateurs de la variabilité génétique.....	25
Chapitre III. Approches de gestion et de conservation des ressources génétiques animales.....	33
1. Approches de gestion	33
1.1. Approches simples.....	33
1.2. Apport potentiel des marqueurs	34
2. Approches de conservation.....	34

Chapitre IV. Généralités sur la poule domestique	36
1. Origine et domestication.....	37
1.1. Origine et distribution.....	37
1.2. Domestication.....	40
2. Analyse du génome de la poule domestique.....	41
3. Gènes à effets visibles	42
4. Évolution de la diversité génétique de la poule domestique.....	47
4.1. Races traditionnelles	48
4.2. Races reproductrices	48
 Chapitre V. Aperçu sur les résultats des études de caractérisation des poules locales en Afrique et en Algérie	51
1. Systèmes d'élevage des poules locales en Afrique.....	52
2. Caractéristiques phénotypiques et performances zootechniques	54
2.1. Caractéristiques morphologiques.....	54
2.2. Performances de reproduction	55
3. Caractérisation moléculaire chez la poule domestique en Afrique.....	55
4. Etat des connaissances sur les ressources génétiques avicoles en Algérie	57
4.1. L'aviculture en Algérie.....	57
4.2. Caractéristique de la poule locale en Algérie.....	58
 Partie 1. Caractérisation des systèmes d'élevage et des populations de poules locales de l'Ouest algérien.....	60
I. Introduction.....	61
II. Matériel et méthodes.....	62
1. Présentation de la zone d'étude	62
2. Enquêtes sur le terrain et échantillonnage	63
2.1. Planification de l'enquête	63
2.2. Conduite de l'enquête et de l'échantillonnage	64
3. Analyses statistiques.....	65
3.1. Analyse descriptive.....	65
3.2. Analyse exploratoire	66
 III. Résultats et discussion	67
1. Caractéristiques des élevages	69
1.1. Etat socio-économique de l'éleveur.....	69
1.2. Historique et conduite des troupeaux.....	70
2. Caractérisation morpho-biométrique des poules locales	73
2.1. Analyse descriptive.....	73
2.2. Analyse exploratoire	84
 IV. Conclusion	87

Partie 2. Caractérisation moléculaire des populations de poules locales de l'Ouest algérien	88
I. Introduction.....	89
II. Matériel et méthodes.....	90
1. Choix des échantillons.....	90
2. Extraction de l'ADN génomique.....	93
3. Contrôle de la qualité d'ADN.....	94
3.1. Analyse qualitative des ADN extraits	94
3.2. Analyse quantitative des ADN extraits	94
4. Génotypage des marqueurs microsatellites par séquenceur automatique	95
4.1. Principes des techniques	95
4.2. Protocole expérimental	98
5. Analyses statistiques des données	102
5.1. Fiabilité des loci microsatellites.....	102
5.2. Analyse de la diversité génétique intra-populationnelle	103
5.3. Analyse de la diversité génétique inter-populationnelle	104
5.4. Assignation des individus à des populations génétiques et clustering.....	104
5.5. Analyses statistiques multivariées	106
III. Résultats et discussion	107
1. Qualité des ADN extraits.....	107
2. Résultats du génotypage par séquenceur automatique	108
3. Analyse de la diversité génétique	108
3.1. Fiabilité des loci microsatellites.....	108
3.2. Diversité intra populationnelle.....	112
3.3. Diversité inter populationnelle.....	117
3.4. Assignation des individus à des populations génétiques et clustering.....	122
3.5. Introgression des gènes des lignées commerciales dans le pool de gènes local	127
3.6. Influence de la localisation géographique.....	129
IV. Conclusion	131
Conclusion générale	132
Références bibliographiques	137
Annexes	148

Liste des figures

Figure 1 : Phénomène de dérive génétique dans une petite population.....	12
Figure 2 : Séquence contenant une répétition GTn	22
Figure 3 : Modèle de "slippage réplication" permettant d'expliquer l'augmentation ou la diminution du nombre de répétitions dans un microsatellite	23
Figure 4 : Quatre espèces du genre <i>Gallus</i>	38
Figure 5 : Habitats naturels, centre de domestication et voies de diffusion des espèces <i>Gallus gallus</i> dans le monde.....	39
Figure 6 : Séquences et chromosomes de <i>Gallus gallus domesticus</i>	41
Figure 7 : Différentes parties visibles du corps d'un coq servant à sa description physique.	43
Figure 8 : Évolution de la diversité génétique de la poule domestique.....	47
Figure 9 : Principe d'hybridation en aviculture	50
Figure 10 : Présentation de la zone d'étude.	63
Figure 11 : Mensurations morphométriques effectuées sur les oiseaux échantillonnés.....	65
Figure 12 : Principe de l'analyse de Hill & Smith.....	66
Figure 13 : Caractéristiques socio-économiques des éleveurs : (a) sexe et (b) niveau d'éducation.	69
Figure 14 : Exemples d'abris fournis aux volailles locales.....	71
Figure 15 : Exemple d'abris fournis aux poules mères et leurs poussins.	71
Figure 16 : Quelques couleurs de plumage observées chez les poules locales de l'Ouest algérien.....	76
Figure 17 : Fréquences des couleurs de plumage des poules locales pour chaque écotype et pour la population totale.....	77
Figure 18 : Répartition des plumes sur le corps : (a) phénotype huppé ; (b) phénotype cou nu.	79
Figure 19 : Quelques colorations des tarsi. (a) tarsi grises, (b) tarsi blanches, (c) tarsi noires, (d) tarsi jaunes.....	80
Figure 20 : Fréquences des couleurs des tarsi par écotype.	80
Figure 21 : Quelques types de crêtes. (a) crête simple, (b) crête rosacée, (c) crête en pois.	81
Figure 22 : Résultat de l'analyse de Hill & Smith.....	85
Figure 23 : Répartition des individus mâles, femelles des trois zones HP, LT et PI sur les composantes retenues par l'analyse de Hill & Smith.....	86
Figure 24 : Procédure d'extraction de l'ADN par le kit Qiamp DNA Mini Kit® (Qiagen®).....	93
Figure 25 : Schéma du principe de la PCR.	96
Figure 26 : Exemple d'un résultat d'une PCR multiplex (Nikolic, 2009).....	97
Figure 27 : Résultat de l'électrophorèse sur gel d'agarose (1 %) pour quelques ADN extraits.....	107

Figure 28 : Réseau phylogénétique montrant la relation entre les populations étudiées avec 21 marqueurs microsatellites.....	119
Figure 29 : Représentation de la distribution des trois écotypes algériens et des populations de références par l'analyse en composantes principales (ACP) avec 21 marqueurs microsatellites.	120
Figure 30 : Dendrogramme des distances des allèles partagés (DAS) entre chaque individu de toutes les populations avec 21 marqueurs microsatellites.....	122
Figure 31 : Moyenne de log-likelihood, $L(K)$, et écart-type (SD) pour chaque valeur de K	125
Figure 32 : Résultats de la structuration génétique des populations étudiées par le logiciel Structure avec 21 marqueurs microsatellites.....	126
Figure 33 : Distribution du nombre de poules présentant un degré d'introgession $> 0,2$ entre ces trois écotypes locaux.	128
Figure 34 : Résultats de la PCAiv: (a) l'extrapolation des résultats de l'ACP sur la carte, (b) cercle de corrélation entre les trois variables explicatives. (c) charges des allèles des 23 microsatellites.	130

Liste des tableaux

Tableau I : Systématique de <i>Gallus gallus domesticus</i>	36
Tableau II : Exemples des gènes à effets visibles chez la poule locale	44
Tableau III : Quelques études sur les populations de poules locales en Afrique réalisées par les marqueurs microsatellites.....	56
Tableau IV : Quelques études sur les populations de poules locales en Afrique réalisées par les marqueurs d'ADN mitochondrial	57
Tableau V : Nombre de poules locales échantillonnées dans chaque village et chaque zone agro-écologique.	68
Tableau VI : Effectifs étudiés et fréquences observées pour les caractères morphologiques des poules locales du Nord-Ouest algérien en fonction des zones.....	74
Tableau VII : Résultats d'analyse de variance pour les mensurations corporelles : moyennes des moindres carrés et écart-type par sexe et par région des poules locales du Nord-Ouest algérien.....	83
Tableau VIII : Corrélations entre les différentes mensurations corporelles chez la poule locale du Nord-Ouest algérien.	84
Tableau IX: Informations sur les sites d'échantillonnage et effectifs des oiseaux génotypés par chaque site.	91
Tableau X : Origine et taille des échantillons des populations de poules étudiées.	92
Tableau XI : Liste des marqueurs microsatellites utilisés pour le génotypage des poules locales et des poules de référence.....	99
Tableau XII : Conditions d'amplification pour les quatre multiplex.....	100
Tableau XIII : Paramètres de la variabilité des 23 marqueurs microsatellites.	111
Tableau XIV : Paramètres de la diversité allélique pour les écotypes algériens et pour les populations de référence.	113
Tableau XV : Allèles privés pour chaque locus et chaque population.....	114
Tableau XVI : hétérozygoties attendue et observée, coefficient de consanguinité et nombre de loci en déviation par rapport à l'EHW, pour les écotypes algériens et les populations de référence.....	116
Tableau XVII : Distances de Reynolds (au-dessus de la diagonale) et valeurs de F_{ST} (au-dessous de la diagonale) entre paire de population avec 21 marqueurs microsatellites	118
Tableau XVIII : Affectation des individus à une population, basée sur le génotypage par 21 microsatellites.....	124

Liste des annexes

Annexe 1 : Article. Caractéristiques morpho-biométriques et systèmes d'élevage des poules locales en Algérie occidentale (Oranie)	149
Annexe 2 : Article. A molecular analysis of the patterns of genetic diversity in local chickens from western Algeria in comparison with commercial lines and wild jungle fowls.....	161
Annexe 3 : Liste de contrôle pour la caractérisation phénotypique des poulets	174
Annexe 4 : Liste des microsatellites recommandés par la FAO pour l'analyse moléculaire de l'espèce poule	177
Annexe 5 : Questionnaire utilisé pour la description du système d'élevage de la poule locale	179
Annexe 6 : Fiche descriptive du phénotype de la poule locale utilisé lors de l'enquête sur le terrain	181
Annexe 7 : Protocole d'extraction de l'ADN avec le kit QIAGEN	182
Annexe 8 : Principe de la correction séquentielle de Bonferroni suivie d'un exemple	183

Liste des abréviations

Introduction générale

Introduction générale

Contexte global et Problématique

Il y a une dizaine de milliers d'années, l'évolution des espèces animales a cessé de suivre son cours naturel, celui qui était influencé par des forces naturelles telles que la sélection, la mutation, la dérive génétique ainsi que l'adaptation et l'isolement. A cette époque, l'homme a en effet cessé de vivre de chasse et de cueillette en s'orientant vers la mise en place de la domestication et de l'élevage. Il a intuitivement influé sur la sélection naturelle par le choix des animaux les plus performants. Par la suite, les animaux domestiqués ont suivi l'homme dans ses grandes migrations, avec comme conséquence première, un relatif éloignement génétique non seulement entre les espèces domestiques et les espèces sauvages mais aussi entre les différentes espèces domestiques (Moula, 2012) ainsi qu'entre les races d'une même espèce domestique.

Au XXème siècle, les progrès de la science, la modernisation, l'industrialisation de l'agriculture et l'intensification de la production ont abouti à la formation et à la création de races spécialisées, bien définies, utilisées avec une série d'objectifs précis. Mais cela était au détriment des techniques de production traditionnelles, basées sur des races indigènes, qui sont devenues moins viables économiquement. La principale conséquence de ces progrès était la perte de la diversité des ressources génétiques accumulées jusqu'alors et disponibles pour les générations futures. De nombreuses races ont décliné, certaines ont disparu. Ce phénomène a touché la plupart des pays, qu'ils soient développés ou en voie de développement (Verrier, 1992).

Ce n'est qu'au début des années 60 que le monde a commencé à avoir conscience de l'irréversibilité de la disparition des races qui n'étaient pas considérées comme les plus rentables. Suite à la tenue de la conférence de Rio en 1992, les pouvoirs publics ont commencé à réfléchir sur des alternatives orientées vers l'exploitation rationnelle, et la conservation des ressources naturelles comme une nécessité d'un développement durable. Ainsi, la notion de biodiversité est largement diffusée.

Aujourd'hui l'importance de la biodiversité est reconnue et il ne fait aucun doute qu'elle participe à la sauvegarde des écosystèmes et de différentes espèces. Un système diversifié,

comprenant un nombre significatif d'espèces jouant un rôle actif dans les cycles naturels, est une assurance contre les risques de déséquilibre (Fadlaoui, 2006). Ainsi, la diversité génétique que l'on trouve chez les races d'animaux domestiques représente son potentiel évolutif. Elle favorise l'adaptation des cheptels aux diverses conditions d'environnement et de stress, y compris les maladies, le manque temporaire d'aliment et/ou d'eau, la température, l'humidité et beaucoup d'autres facteurs (Feliachi, 2003).

Cependant, la diversité génétique des animaux d'élevage est menacée. Le nombre signalé de disparitions de races est très préoccupant. D'après la FAO " Food and Agricultural Organisation of the United Nations" , 30 % des races d'élevage sont menacées d'extinction et environ six races disparaissent chaque mois (FAO, 2005). Il est encore plus inquiétant de constater que les ressources génétiques non enregistrées sont perdues avant même que leurs caractéristiques n'aient été étudiées et leur potentiel évalué. Concernant les oiseaux domestiques, selon les statistiques de la FAO, 9 % des races ont déjà disparue, 20 % sont menacées et 35 % ne sont pas en danger. La situation des 36 % restants est inconnue à cause du manque d'informations (Zanetti, 2009). Parmi ces oiseaux, la poule présente le plus grand nombre de races à risque à l'échelle mondiale (33%), quarante races de poules sont déjà déclarées disparues (FAO, 2007c). Les causes de disparition sont multiples, citant parmi eux les problèmes sanitaires majeurs et récurrents, tels que les épidémies de grippe aviaire qui ont nécessité l'abattage massif des troupeaux domestiques.

La poule domestique (*Gallus gallus domesticus*), représente l'espèce de phasianidés la plus étudiée, dont l'intérêt économique majeur a permis des études beaucoup plus précises, notamment dans le cadre de la diversité génétique au sein et entre différentes populations, l'histoire et l'origine de cette espèce ainsi que la cartographie de gènes et de marqueurs.

Dans les années quarante, le poulet, qui était un mets de luxe consommé uniquement les jours de fête, fut, grâce à l'élevage intensif, propulsé au rang de viande de tous les jours. Dans les pays en développement, où certaines populations sont encore frappées par la pauvreté et le manque de protéines animales, l'élevage traditionnel de la poule locale présente des avantages évidents sur la plupart des autres types d'élevage, en particulier par son cycle de production court et son niveau d'investissement relativement faible. Ces dernières années, plusieurs pays en développement ont accordé un accent particulier à la poule locale ; les études de caractérisation réalisées ont montré une faible productivité qui est due d'une part au mode d'élevage pratiqué et d'autre part à la pauvreté du matériel génétique existant.

En Algérie, la filière avicole est basée sur l'élevage intensif de souches importées. Quant aux races locales, exclusivement exploitées dans les élevages traditionnels extensifs, elles sont très mal connues (Feliachi, 2003). En effet, il n'existe que fort peu d'études sur la poule locale algérienne. La caractérisation phénotypique et l'étude des performances de croissance de la poule locale en Kabylie (région dans le Nord-Est algérien) ont été étudiées par Moula et ses collaborateurs (2009). Concernant les populations de poules locales de l'Ouest algérien, en plus de notre travail préliminaire au cours de la préparation de mémoire de Master qui a porté sur quelques élevages dans les wilayas d'Oran, Tlemcen et Mostaganem (Mahammi et Maldji, 2009), il y a un inventaire phénotypique des populations avicoles locales, réalisé à la suite des enquêtes menées dans quelques villages des wilayas de Mostaganem et Relizane (Halbouche *et al.*, 2012).

Or, ces études préliminaires restent insuffisantes pour caractériser les populations de poules locales en Algérie, pays caractérisé par sa grande diversité biologique, géographique et bioclimatique. D'une région à l'autre, les races et les populations de poules locales peuvent être très différentes. L'intérêt d'une étude sur les modes d'élevage et sur la variabilité génétique des poules locales dans différents environnements est évident. L'identification de génotypes adaptés aux différentes conditions de milieux rencontrés (disponibilités alimentaires, thermo-tolérance, etc.) et l'analyse conjointe des données phénotypiques et du polymorphisme moléculaire pourraient en effet constituer une base solide pour la valorisation du potentiel génétique local et l'amélioration des performances de l'aviculture traditionnelle.

Objectifs du travail de thèse

Objectifs du travail de thèse

L'objectif principal de notre étude est de contribuer à une meilleure caractérisation des poules locales algériennes, afin de disposer d'une base de données indispensable pour l'amélioration de la production des poulets locaux en Algérie. Les objectifs spécifiques sont :

- L'étude du système d'élevage de la poule locale pratiqué dans la région de l'Ouest algérien et l'analyse de son contexte socioculturel et socioéconomique.
- L'étude de la variabilité génétique de la population de poules locales de l'Ouest algérien, sur les deux plans : phénotypique et moléculaire.
- L'étude de la structuration de cette population et le test de la différenciation ou de similitude entre les différents écotypes que compte la région de l'étude.
- Le test de l'originalité de la population locale par la mesure du degré d'introgression des gènes de races commerciales dans le pool de gènes local.

Nous avons commencé ce manuscrit de thèse par une synthèse bibliographique organisée en cinq chapitres, le premier chapitre présente les notions générales souvent appliquées dans le domaine de la caractérisation des populations d'animaux d'élevage. Les deux chapitres suivants mettent le point, respectivement, sur les approches de caractérisation, ainsi que de gestion et de conservation des ressources génétiques animales. Le quatrième chapitre expose des généralités sur la poule domestique, l'espèce qui constitue le socle de notre étude. Enfin, le dernier chapitre donne un aperçu sur les travaux de caractérisation de la poule locale réalisés en Afrique et en Algérie.

Par la suite, nous avons présenté nos travaux de thèse en deux parties. La première partie est relative aux résultats d'une enquête qui a permis d'étudier le système d'élevage pratiqué et de caractériser les populations de poules locales de l'Ouest algérien sur le plan morpho-biométrique. Cette partie de l'étude a fait l'objet d'une première publication internationale (Annexe 1). Dans la deuxième partie, nous présentons les études moléculaires réalisées à partir d'échantillons sanguins prélevés durant l'enquête. L'objectif était d'estimer la variabilité génétique de la population de poules locales de l'Ouest algérien au niveau moléculaire, avec des marqueurs microsatellites, mais également d'étudier leurs relations avec d'autres

populations de poules, sauvages et commerciales, analysées auparavant avec les mêmes marqueurs. Cette partie de l'étude a fait l'objet d'une deuxième publication internationale (Annexe 2).

Enfin, dans la conclusion générale, nous récapitulons les principaux résultats de notre travail et nous proposons nos perspectives et nos recommandations visant à développer une stratégie de gestion durable et de valorisation de la poule locale en Algérie.

Revue bibliographique

Chapitre I

Notions générales

Les ressources génétiques animales (RGA) sont la matière première dont les chercheurs ont besoin pour améliorer la production alimentaire, en qualité et en quantité. De multiples pressions liées aux activités humaines ont conduit à une crise grave entraînant leur disparition accélérée. Pourtant, chaque fois que l'une de ces ressources disparaît, l'humanité perd un moyen potentiel d'adapter l'agriculture à de nouvelles conditions socio-économiques et environnementales. Il est admis que plus la diversité est grande dans un groupe d'individus (sous-population, population, espèce), plus il sera facile pour ce groupe de s'adapter à de nouvelles conditions environnementales. De ce fait, des efforts importants pour comprendre et protéger ces ressources sont nécessaires. Dans ce chapitre nous présentons les notions clés utilisées dans le domaine d'études et de caractérisation des ressources génétiques animales.

1. Biodiversité

La biodiversité consiste à la variabilité des écosystèmes, des animaux, des végétaux et des microorganismes aux niveaux génétique, spécifique et écosystémique. Cette diversité est le résultat de millions d'années de sélection naturelle ainsi que de milliers d'années d'activités d'agriculteurs et d'éleveurs, d'utilisation des terres et des forêts et de pratiques halieutiques et aquacoles. La disponibilité moindre des ressources naturelles, les incertitudes liées au changement climatique ainsi que le nombre important et toujours croissant de personnes souffrant de la malnutrition dans le monde, sont quelques-uns des principaux défis qui accroissent l'attention du monde sur la biodiversité et l'environnement. Ainsi, le Sommet de la Terre qui s'est tenu à Rio de Janeiro, en 1992, a donné naissance à la Convention sur la Diversité Biologique (CDB), première convention internationale concernant la biodiversité dont les objectifs sont : la conservation de la biodiversité, l'utilisation durable des espèces et des milieux naturels et le partage juste et équitable des bénéfices issus de l'utilisation des ressources génétiques.

2. Diversité génétique

La diversité génétique est un aspect de la biodiversité mesuré au niveau des gènes. Ces derniers représentent les plus petites unités du vivant et constituent le substrat sur lesquels vont agir les processus évolutifs qui sont à l'origine de la variabilité génétique entre les individus et entre les populations.

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 (phénotypique ou moléculaire).

3. Facteurs influençant la dynamique de la diversité

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. Les mutations qui sont générées par hasard, sont à l'origine même de la diversité génétique par la création de nouveaux variants. Au contraire, la dérive génétique, qui est également une force stochastique, tendra à diminuer cette diversité. Quant à la migration, elle vise à la cohésion des populations, en empêchant la différenciation génétique entre elles. Enfin, la sélection, en faisant le tri des variants les plus avantageux, est la force qui permet d'expliquer l'adaptation, un fait majeur de l'évolution pouvant aboutir à long terme à la spéciation.

3.1. 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. La recombinaison est un processus qui entraîne un brassage de matériel génétique intra- ou inter-chromosomique et dont la conséquence est la création de nouvelles combinaisons alléliques, c'est-à-dire d'haplotypes. Ainsi les mutations et les recombinaisons augmentent la diversité génétique globale en générant de nouveaux allèles et de nouveaux haplotypes. Le polymorphisme chromosomique peut être dû soit à une variation

du nombre des chromosomes soit à un changement de leur structure (délétion, duplication, inversion, translocation). Le polymorphisme d'insertion caractérise des éléments d'ADN capables de s'insérer dans différentes régions du génome. Inversement, le polymorphisme de délétion supprime certaines régions du génome, alors que le polymorphisme d'inversion comme son nom l'indique provoque un changement dans l'ordre de certaines séquences dans le génome. Le polymorphisme ponctuel signifie des changements à l'échelle du nucléotide : SNP pour "Single Nucleotide Polymorphism". Enfin, le polymorphisme de taille correspond à une variation du nombre de motifs répétés sur un brin d'ADN, comme nous pouvons l'observer chez les microsatellites ou SSR pour "Simple Sequence Repeats".

Les mutations affectent l'ensemble du génome. Celles-ci sont silencieuses lorsqu'elles n'ont pas d'impact évolutif. Par contre, des changements fonctionnels peuvent avoir lieu d'une part, lorsque des mutations entraînent des changements d'acides aminés (mutation non-synonyme) dans les régions codantes et donc des modifications structurales et fonctionnelles des protéines. D'autre part, les mutations affectant les régions non-codantes peuvent aussi avoir un impact évolutif. En effet, elles peuvent entraîner des modifications dans les régions de l'ADN ayant un rôle important dans la régulation de la transcription et dans l'organisation du génome et qui sont donc soumises à des pressions de sélection indiquant qu'elles ont un rôle évolutif et fonctionnel majeur (Montaigne, 2011). 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). Pour que la mutation contribue de façon substantielle à l'évolution d'une population, il est nécessaire que les allèles nouveaux soient "repris" par des forces plus efficaces, comme la sélection ou la dérive génétique.

3.2. Dérive génétique

La dérive génétique, qui agit sur tout le génome, représente un changement aléatoire des fréquences alléliques au cours des générations dans une population de taille finie (Montaigne, 2011). En effet, dans une population de taille finie, les fréquences alléliques varient sous l'effet du hasard d'une génération à l'autre. Plus la population sera petite, plus les effets de la dérive seront grands car les écarts de fréquences alléliques y seront d'autant plus visibles d'une génération à l'autre. La dérive génétique peut aboutir à l'élimination ou à la fixation d'un allèle pour tous les individus de la population (Figure 1). 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 (s'il ne confère bien entendu aucun avantage sélectif). Contrairement aux mutations, la dérive génétique aura tendance à réduire la diversité génétique.

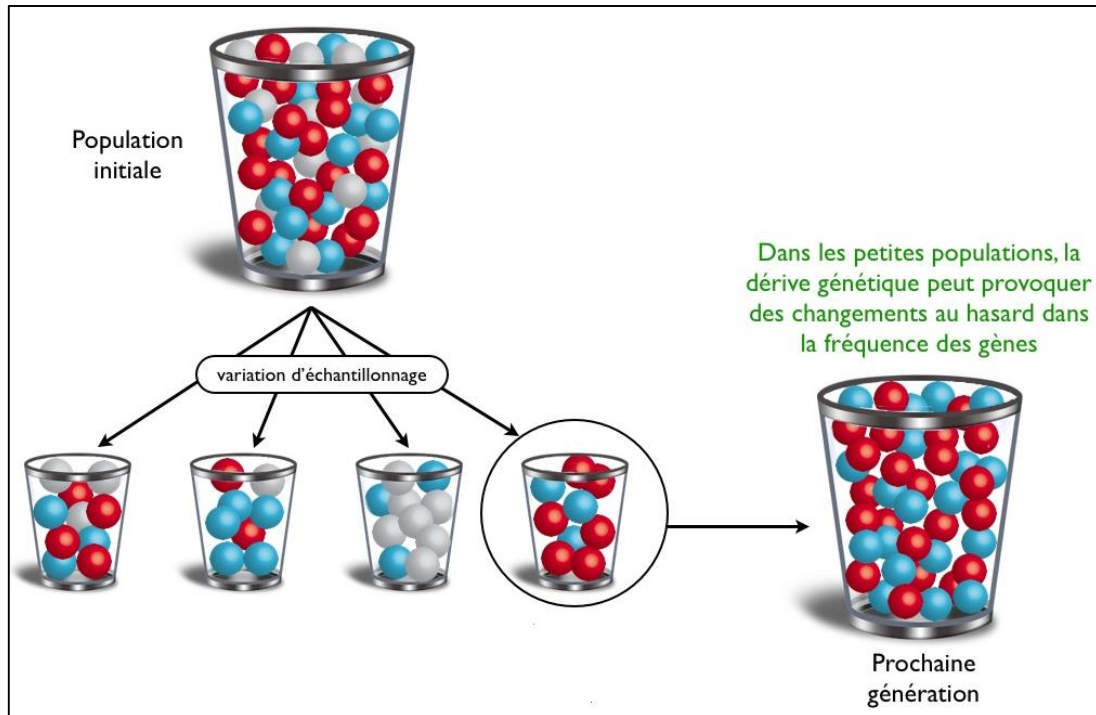


Figure 1 : Phénomène de dérive génétique dans une petite population.

(<http://www.lyceedadultes.fr/sitepedagogique/documents/SVT/SVT2S/>)

3.3. Migration

En génétique des populations, la migration se réfère au mouvement de gènes entre populations. La migration limite, selon son intensité, la divergence génétique entre populations engendrée par l'effet de la dérive génétique (Hamrick *et al.*, 1993). 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 (Montaigne, 2011) induisant une réduction de la différenciation génétique. L'homogénéisation est d'autant plus forte que les flux de gènes sont importants. Aussi, en apportant un flux régulier de gènes extérieurs, la migration permet d'éviter la perte de certains allèles (au moins ceux qui sont présents dans la population migrante) (Gaouar, 2009).

3.4. Sélection

Avancée par Charles Darwin en 1859 dans "L'Origine des espèces", la sélection naturelle est un mécanisme qui contribue à l'évolution des espèces. Elle fait le tri entre les individus montrant un différentiel de survie et de reproduction dans un environnement donné. Elle augmente ainsi la fréquence des phénotypes les plus favorables à la survie et à la reproduction (donc ayant un plus grand dynamisme) tandis que les phénotypes les moins adaptés tendront à disparaître. Pour que la sélection agisse, il est nécessaire que (i) les individus d'une population ne soient pas tous identiques (variation de traits), (ii) qu'une part de cette variation affecte les traits liés à la capacité de survivre et/ou de se reproduire, et (iii) que les différences de survie/reproduction soient dues à des variations génétiques héritables (par conséquent, ces différences doivent être contrôlées par des gènes transmissibles de génération en génération). Les porteurs des mutations avantageuses ont plus de descendants qui, à leur tour, auront plus de descendants et ainsi de suite, aboutissant alors à une population dont les individus sont adaptés à leur milieu. 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).

4. Ressources génétiques animales

Les ressources génétiques sont une fraction de la diversité génétique générale du vivant dont les hommes font usage par la domestication et la sélection (Charrier, 2006). L'expression "Ressources Génétiques" est actuellement attribuée à des objets, parties du monde vivant, allant des séquences d'acides nucléiques à des individus, à des populations, voire des complexes plurispécifiques d'êtres vivants génétiquement identifiés. L'idée de ressources génétiques a émergé, progressivement au cours du siècle passé, de la conjonction des avancées de la connaissance biologique (génétique mendélienne, génétique quantitative, génétique des populations et génétique moléculaire) et du développement corrélatif de techniques et de pratiques (marquages moléculaires et séquençage en masse et avec de hauts débits).

La biodiversité des espèces animales qui ont été domestiquées pour l'agriculture et la production alimentaire est vitale pour la sécurité alimentaire et le développement durable. De nombreuses races autochtones sont bien adaptées aux conditions locales et pourront s'avérer très importantes pour la production animale future car elles présentent des caractéristiques comme la résistance aux stress climatiques, aux maladies et aux parasites ainsi qu'aux disponibilités alimentaires et hydriques. Globalement, les ressources génétiques animales contribuent pour environ 30% aux besoins de l'homme en nourriture et en production agricole (Chabi Toko, 2008). Pourtant, ces ressources sont souvent négligées et mal gérées. Ces dernières années, les RGA ont subi une érosion substantielle et cette évolution pourrait s'accélérer en raison des changements rapides que connaît actuellement l'élevage, la mondialisation, l'agriculture industrielle, l'accroissement de la population et l'urbanisation, et le réchauffement climatique. Par conséquence, 20% des races d'élevage sont menacées d'extinction : 1500 des 7600 races de la planète pourraient disparaître définitivement dans un avenir proche (Hainzelin, 2013).

Reconnaissant qu'il est nécessaire de mettre en place un cadre efficace de gestion de ces ressources et de faire face à la menace d'érosion génétique, les RGA ont fait l'objet de réglementations dans différents pays et d'un traité international, sous l'égide de la FAO. La FAO a sollicité les différents pays afin qu'ils recensent leurs RGA. L'inventaire de la diversité génétique animale dans divers domaines est exécuté dans la plupart des pays en développement à l'exemple de l'Algérie (Feliachi, 2003). En septembre 2007, 109 pays se sont réunis à l'occasion de la première conférence technique internationale sur les RGA pour l'alimentation et l'agriculture, qui s'est tenue à Interlaken (Suisse). La conférence a adopté le plan d'action

mondial pour les RGA, qui est le résultat d'un processus d'établissement de rapports, d'analyses et de débats à l'initiative des États. La déclaration d'Interlaken sur les RGA affirme l'engagement des États de mettre en œuvre le plan d'action mondial et de veiller à ce que la biodiversité des animaux d'élevage serve à promouvoir la sécurité alimentaire mondiale et reste disponible pour les générations futures.

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

Il existe plusieurs définitions possibles du mot «espèce» dans le domaine scientifique. La plus commune fut déterminée par Moret (1966). D'après lui, une espèce se reconnaît à trois couples de caractères à savoir : la morphologie et la physiologie, l'écologie et la distribution, la stérilité extérieure et la fécondité intérieure. Plus clairement, une espèce est un groupe d'êtres vivants, présentant un ensemble de caractéristiques morphologiques, anatomiques, physiologiques et génétiques communes et pouvant se reproduire entre eux, dont la descendance est fertile. Les espèces sont regroupées en genres et divisées en sous-ensembles dénommés populations, races ou encore souches.

Selon Verrier *et al.* (2001), 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 ».

La notion de race est essentiellement liée à l'isolement presque complet sur plusieurs générations, et donc à la consanguinité, car il est difficilement possible de fixer un caractère initialement anecdotique dans une population sans passer par la reproduction d'un très faible nombre d'animaux portant ce caractère. Cela permet à la population d'acquérir une apparence et des capacités nettement différentes de celles des autres races.

En fait, le concept de race est originaire d'Europe. 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. 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 (Fotsa, 2008).

6. Classification des populations animales domestiques

Selon Tixier-Boichard (2006), une classification des populations animales domestiques en tant que ressources génétiques a été proposée par Lauvergne (1982) et complétée par Audiot (1995). 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 (Tixier-Boichard, 2006) :

- **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.

Chapitre II

Approches de caractérisation des ressources génétiques animales

La caractérisation des RGA révèle un intérêt considérable ces dernières années. De manière globale, les ressources génétiques disponibles sont d'autant plus et mieux utilisées qu'elles sont bien connues et donc caractérisées. L'objectif de la caractérisation est d'obtenir une meilleure connaissance des RGA. Cette connaissance est essentielle pour mettre en place des systèmes de gestion, de conservation et d'amélioration.

La caractérisation de la variabilité génétique fait appel à différentes sources d'information historique, phénotypique et moléculaire (Verrier *et al.*, 2005). Les instruments, les techniques et les méthodes récemment développés 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. Ce chapitre passe en revue les différentes étapes et approches de caractérisation des RGA.

1. Enquête sur le terrain et échantillonnage

Dans le domaine de la caractérisation des animaux domestiques, le terme «enquête» est utilisé pour désigner toute activité structurée visant à obtenir des données et des informations sur les RGA, sur leurs environnements de production, leurs utilisations, leur gestion et les menaces qui les affectent. Les informations sont assez faciles à collecter dans le cas où les exploitations sont bien structurées et gérées par l'utilisation de registres réguliers de généalogie et des caractéristiques et performances individuelles (FAO, 2012). En absence de tout programme de gestion ou de conservation, des enquêtes spécifiques doivent être mis en place.

Une analyse de la diversité génétique passe évidemment par un échantillonnage représentatif de la population étudiée. Le choix de la méthode d'échantillonnage doit être raisonné en fonction du projet de recherche (moyens financiers et humains) et des populations analysées (races répertoriées, populations autochtones ou sauvages) (FAO, 2012), en essayant

d'éviter, au maximum, les biais d'échantillonnage. L'un des principaux risques de biais, lors de prélèvements sur des animaux pour mesurer la diversité génétique, est de sélectionner des individus trop proches les uns des autres (sur le plan de la généalogie) pour être représentatifs de la population réelle. Les allèles que ce groupe d'individus portent alors, risque d'être surreprésentés. Dans ces conditions, la FAO recommande de prélever des individus non apparentés et la méthode la plus simple pour le faire consiste à tirer au hasard les individus à partir d'un échantillonnage aléatoire simple. Le nombre d'individus à échantillonner dans les populations fermées à faible effectif est plus faible que dans les populations largement réparties. De plus, le nombre de mâles et de femelles échantillonnées doit être plus ou moins égal (FAO, 2012). Dans le cas où le nombre total d'individus à analyser est limité par le coût, il est nécessaire de faire un compromis entre le nombre de races étudiées et le nombre d'individus par race (Leroy, 2008). 30 à 50 individus bien choisis par race sont suffisants pour fournir une première information sur la diversité intra-race (FAO, 2007c).

2. Caractérisation phénotypique

La caractérisation phénotypique des RGA 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, en tenant compte des facteurs socio-économiques qui les affectent. Les informations fournies par les études de caractérisation sont essentielles pour planifier la gestion des RGA au niveau local, national, régional et mondial. Le *Plan d'action mondial pour les ressources zoogénétiques* (FAO, 2007a) reconnaît qu'«une bonne compréhension des caractéristiques des races est nécessaire pour guider la prise de décision en matière de programmes de développement et de sélection des animaux d'élevage». La première priorité stratégique du *Plan d'action mondial* est consacrée à la caractérisation, l'inventaire et la surveillance des évolutions et des risques associés.

Les caractères phénotypiques ont été les premiers traits utilisés pour la sélection et la définition de races. Ces caractères fournissent aussi une estimation brute de la variabilité des gènes induisant des variations sur les caractères observés. L'avantage de ce type d'information est que son recueil est généralement simple, peu coûteux et peut ainsi s'effectuer sur de grands effectifs d'animaux.

Cependant, la plupart des phénotypes de la majorité des espèces d'animaux d'élevage ne sont pas enregistrés (Baumung *et al.*, 2004). De plus, en raison du manque d'informations

exhaustives sur les structures des populations et sur leur répartition géographique, de nombreuses populations animales dans les régions du monde en développement sont communément appelées «autochtones» ou «traditionnelles». Il est donc nécessaire d'établir des procédures simplifiées et cohérentes de caractérisation phénotypique pour aider les pays à réaliser un inventaire plus complet de leurs RGA. La standardisation du codage des caractères qualitatifs est également essentielle pour permettre une large utilisation des données, par exemple pour comparer les races à l'intérieur ou entre les pays. Récemment, la FAO a publié des directives concernant la caractérisation phénotypique des ressources génétiques animales (FAO, 2013), qui comporte des listes de contrôle pour la caractérisation phénotypique de différents animaux d'élevage dont celle des poulets (Annexe 3). Il est maintenant possible d'accéder, de trouver et d'enregistrer les données sur les caractéristiques des races de chaque pays de manière cohérente et aussi exhaustive que possible dans DAD-IS (Domestic Animals Diversity Information System), un système d'information créé par la FAO, qui permet aux coordonnateurs nationaux des pays intéressés de gérer et de diffuser les données concernant les RGA dans leurs pays respectifs. Les informations contenues dans DAD-IS sont accessibles au grand public via internet à l'adresse suivante : <http://www.fao.org/dad-is>.

3. Caractérisation moléculaire

La caractérisation moléculaire permet d'estimer la diversité génétique d'une population, d'étudier sa structure génétique et de donner des hypothèses sur son histoire au cours de l'évolution. Elle peut servir à établir des programmes de gestion et de conservation.

Les polymorphismes de protéines étaient disponibles pour les premières études de diversité génétique. Ce polymorphisme est révélé par des méthodes immunologiques (groupes sanguins) ou électrophorétiques (protéines sériques ou érythrocytaires). Cependant, le nombre de loci polymorphiques pouvant se doser et le niveau des polymorphismes observés aux loci sont souvent faibles, ce qui limite beaucoup leur application aux études sur la diversité génétique. Le développement des méthodes de biologie moléculaire depuis les années 90 a fourni un grand nombre d'outils moléculaires et a profondément amélioré le pouvoir d'investigation des chercheurs, puisque l'ensemble du polymorphisme de l'ADN est devenu accessible. Les marqueurs d'ADN offrent plusieurs avantages par rapport aux marqueurs phénotypiques traditionnels et biochimiques. Ils ont aussi permis de compléter les travaux antérieurs (Moazami-Goudarzi et al, 1994).

Parmi les marqueurs moléculaires les plus utilisés dans les études récentes sur la diversité animale, nous trouvons les marqueurs microsatellites, les SNP et les marqueurs d'ADN mitochondrial. Dans ce qui suit nous parlerons de ces trois types de marqueurs, mais d'abord, nous rappellerons les caractéristiques d'un bon marqueur moléculaire.

3.1. Caractéristiques d'un bon marqueur moléculaire

Une des principales contraintes de l'utilisation du polymorphisme moléculaire pour étudier la diversité génétique est le nombre limité de zones du génome étudiées. Les loci doivent donc être choisis judicieusement, quant à leur répartition au sein du génome et leur niveau de polymorphisme. Afin de pouvoir distinguer aux mieux les populations et les individus, ils doivent être le plus polymorphe (informatif) que possible. Un marqueur est considéré comme informatif s'il permet de distinguer deux groupes de descendants selon l'allèle reçu d'un parent (Boichard *et al.*, 1998). Pour des investigations portant strictement sur la diversité, les marqueurs utilisés doivent donc être neutres vis-à-vis de la sélection, propriété généralement respectée car ces derniers sont le plus souvent situés dans des zones non fonctionnelles du génome. Les marqueurs doivent en outre être non liés à des gènes fonctionnels qui pourraient être soumis à la sélection, (c'est d'ailleurs l'opposé que l'on recherche dans les protocoles de détection de QTL ou « Quantitative Trait Loci »). Les marqueurs neutres et codominants sont nécessaires pour analyser la structuration des populations (effet de fondation, dérive génétique...). Enfin, les marqueurs doivent être simples à génotyper, afin de réaliser des économies et ainsi de multiplier le nombre de marqueurs et d'individus analysés.

3.2. Marqueurs microsatellites

Les microsatellites ou STR ("Single Tandem repeat" : séquences répétées en tandem) sont les marqueurs les plus utilisés dans les études de caractérisation génétique des animaux d'élevage (FAO, 2011). Les microsatellites sont des séquences d'ADN constituées de répétitions en tandem d'un motif de 2 à 6 paires de base (pb), très abondants chez les eucaryotes (50 à 100 000, par génome, suivant les espèces) et bien distribués dans le génome (Chambers et MacAvoy, 2000). Le polymorphisme de ces séquences est un polymorphisme de longueur qui est dû à la variation du nombre de répétitions du motif de base (Figure 2). Chaque microsatellite correspond à un locus unique dans le génome, parfaitement défini par les séquences uniques qui encadrent la répétition.

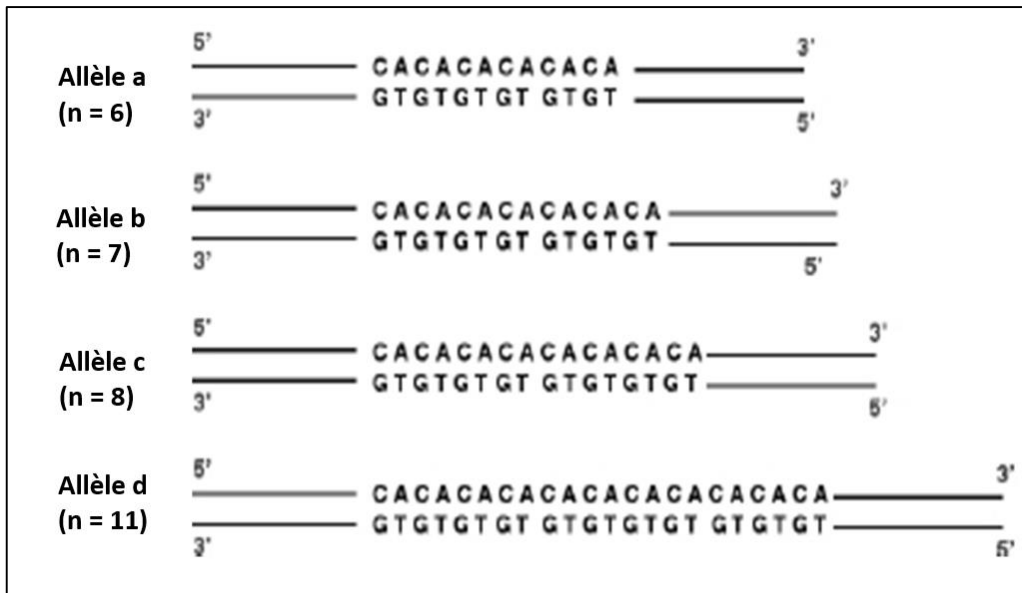


Figure 2 : Séquence contenant une répétition GTn (Bautista Salas, 2009).

Les loci microsatellites sont en soi instables avec des taux élevés de mutation, un phénomène provoqué par glissement de l'ADN polymérase et/ou une recombinaison inégale (Li *et al.*, 2002). Deux hypothèses ont été proposées afin d'expliquer l'évolution du nombre de répétitions dans un microsatellite. Le premier modèle, appelée « slippage-replication » a été décrit par Levinson et Gutman en 1987 (Figure 3). Ce modèle est composé de trois étapes :

Etape d'initiation : la polymérase synthétise le brin complémentaire de la séquence répétée.

Etape de dissociation : le brin nouvellement synthétisé se dissocie du brin matrice pendant que la polymérase traverse la région répétée.

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

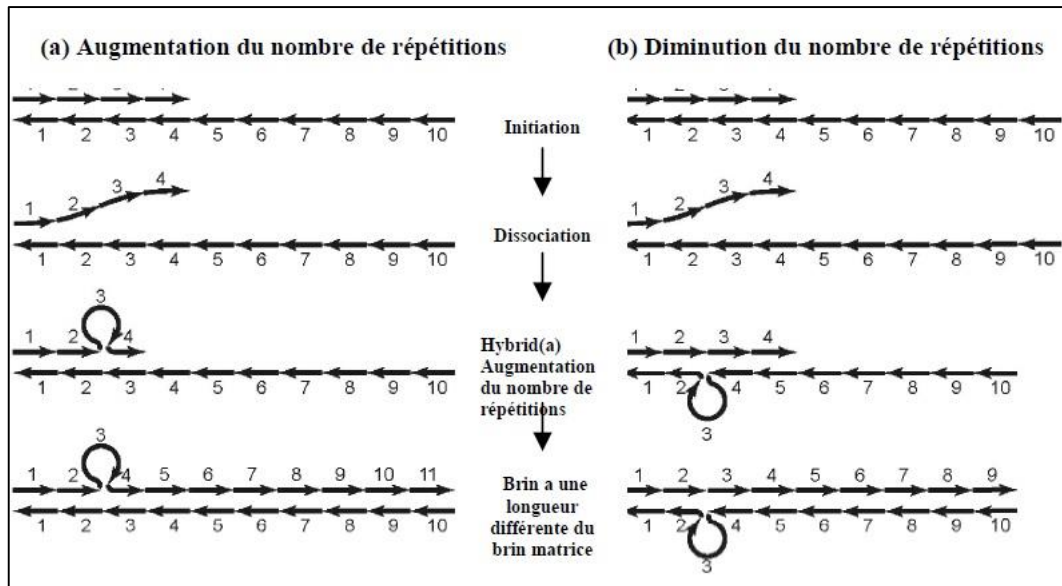


Figure 3 : Modèle de "slippage réplication" permettant d'expliquer l'augmentation ou la diminution du nombre de répétitions dans un microsatellite (Bautista Salas, 2009).

Le deuxième modèle de mutation est le crossing-over ou la recombinaison inégale entre deux chromosomes homologues (ou entre deux chromatides sœurs) pendant la méiose. Il en résulte une insertion sur un des chromosomes et une délétion sur l'autre (Li *et al.*, 2002).

Les microsatellites présentent une répartition homogène sur le génome. Ils sont aussi codominants, multialléliques et souvent neutres vis-à-vis du processus de sélection. Mise à part leurs propriétés génétiques, les microsatellites présentent des intérêts techniques considérables. En effet, les microsatellites ont une taille relativement petite et, par conséquent, sont facilement amplifiés en utilisant la technique PCR (pour "Polymerase Chain Reaction" : réaction de polymérisation en chaîne) à partir d'ADN extrait de différentes sources telles que le sang, les poils, la peau, etc. La procédure est relativement simple et rapide, suivie d'une migration des fragments amplifiés sur un gel d'acrylamide ou sur un gel de séquençage. La disponibilité de séquenceurs automatiques d'ADN permet une analyse à haut débit d'un grand nombre d'échantillons (Bautista Salas, 2009). Plusieurs loci peuvent être étudiés simultanément quand les amorces utilisées sont marquées par des fluorophores de couleurs différentes (PCR multiplex). Enfin, la technique demande une quantité d'ADN très faible.

Les caractéristiques génétiques et techniques font des microsatellites des marqueurs de choix pour l'estimation de la diversité intra et interraciale, et l'identification du mélange génétique entre les races, même si celles-ci sont très proches. Pour promouvoir l'utilisation de

marqueurs communs, la FAO recommande une liste de microsatellites pour les principales races d'animaux d'élevage dont celle du poulet (Annexe 4). Cela est important pour optimiser le nombre de marqueurs qui se chevauchent entre les différentes études indépendantes et rendre possible une compilation ultérieure des résultats. L'analyse à grande échelle sur la diversité des poules par Hillel *et al.* (2003) est un exemple concret. Cette perspective mondiale sur la diversité des animaux d'élevage aura une grande importance pour la reconstruction de l'histoire des populations d'animaux domestiques et, de façon indirecte, des populations humaines. Elle mettra également en lumière les points focaux régionaux et locaux de la diversité génétique que les activités de conservation pourront cibler.

3.3. Polymorphismes nucléotidiques simples

Les polymorphismes nucléotidiques simples, appelés SNP, constituent une autre catégorie de marqueurs qui commence à être régulièrement utilisée pour les études de la diversité génétique. Les SNP sont des variations d'un nucléotide qui ne changent pas la longueur globale de la séquence d'ADN dans la région. Ils se produisent partout dans le génome avec une fréquence élevée. Après les projets de séquençage du génome ou de séquences exprimées EST « Expressed Sequence Tag », des millions de SNP ont été produits dans plusieurs espèces, y compris le poulet avec la détection de 2,8 millions de SNP (Wong *et al.*, 2004), ensuite, 7 millions de SNP, dans une publication plus récente (Rubin *et al.*, 2010). La plupart des SNP sont localisés dans les régions non codantes et n'ont aucun impact direct sur le phénotype d'un individu. Cependant, certains SNP représentent des mutations qui sont localisées dans des séquences ou des régions d'expression influençant l'expression génique et peuvent donner lieu à des changements dans la structure ou la régulation des protéines. Ces SNP ont les potentialités de détecter la variation génétique fonctionnelle, mais sont généralement mis à l'écart pour les études de génétique des populations, qui font l'hypothèse d'absence de sélection.

En tant que marqueurs bialléliques, les SNP génèrent des quantités d'informations relativement faibles, pour atteindre le niveau d'information d'un panel standard de 30 loci de microsatellites, il faut utiliser un nombre élevé de ces marqueurs. Cependant, les techniques moléculaires, toujours en évolution, accroissent l'automatisation et réduisent le coût du typage des SNP, ce qui permet l'analyse parallèle d'un grand nombre de marqueurs à un coût réduit (FAO, 2007b).

De même que pour les informations sur les séquences, les SNP permettent une comparaison directe et une analyse conjointe des différentes études. Les résultats de ce type d'analyse sont plus faciles à comparer entre les laboratoires qu'ils ne le sont pour les microsatellites. Des ensembles de milliers de SNP sont utilisés pour produire des puces à haute densité (60k ou plus) pour une couverture dense de l'ensemble du génome. Ils sont probablement les marqueurs les plus intéressants à appliquer à l'avenir dans les études sur la diversité génétique et l'établissement de programmes de sélection.

3.4. Marqueurs de l'ADN mitochondrial

Les polymorphismes d'ADN mitochondrial (ADNmt) ont été largement utilisés lors des analyses de la diversité phylogénétique et génétique (FAO, 2011). L'ADNmt est une petite molécule circulaire de 15 à 20 Kilo base (Kb), présente en plusieurs copies identiques dans chaque cellule au sein des mitochondries. Il est transmis par voie maternelle (Harrison, 1989; Nabholz *et al.*, 2008), mais il existe de rares exceptions de transmission paternelle (Gyllensten *et al.*, 1991; Schwartz et Vissing, 2002). Sa vitesse d'évolution est considérée comme 5 à 10 fois plus rapide que celle de l'ADN nucléaire (Vawter et Brown, 1986).

La quasi-totalité de la séquence de l'ADNmt est codante, les gènes sont contigus et ne contiennent pas d'introns. L'ADNmt code pour les 22 ARNt et ARNr de la mitochondrie, ainsi que pour un certain nombre de protéines. Les parties non codantes sont limitées à de courtes séquences et à une partie plus longue correspondant à l'origine de la réplication (la boucle D ou "D-loop") (Ferré, 2009). Plusieurs études suggèrent que l'utilisation du polymorphisme de cette partie, très variable, de l'ADN mitochondrial est efficace pour la caractérisation intra et inter-races, l'établissement des modèles géographiques de la diversité génétique, l'identification des ascendants sauvages des espèces domestiques, le retracement des événements des migrations anciennes et la compréhension de la domestication des animaux d'élevage (Liu *et al.*, 2006; FAO, 2011).

3.5. Indicateurs de la variabilité génétique

3.5.1. Fréquences alléliques

La fréquence allélique est le paramètre de base caractérisant une population. 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

(Berg et Hamrick, 1997). Si l'on dénombre n_i copies du $i^{\text{ème}}$ allèle dans un échantillon, la fréquence estimée p_i de cet allèle est : $p_i = n_i/2n$, où n est le nombre d'individus de l'échantillon, pour un locus biallélique.

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

L'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW), a été mis en évidence au début du XX^{ème} 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* ». Dans le cas le plus simple, avec un locus avec deux allèles (A) et (a) de fréquences alléliques (p) et (q) respectivement, la loi EHW prédit que la fréquence génotypique pour l'homozygote AA est p^2 , celle de l'hétérozygote (Aa) est de $2pq$ et celle de l'homozygote (aa) est q^2 . 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, décrites dans le premier chapitre. La conséquence de l'action de ces forces évolutives est de faire varier les fréquences alléliques et le taux d'hétérozygotes de la population par rapport à l'EHW. Les écarts à la panmixie peuvent ainsi être le résultat du mode d'union des reproducteurs qui n'est pas panmictique (homogamie, hétérogamie, union entre apparentés, sélection des reproducteurs), de la fragmentation de la population en sous-populations, c'est l'effet Wahlhound, ou encore d'introductions récentes et/ou croisements entre populations différentes (excès d'hétérozygotes). Ces données peuvent être très utiles pour comprendre l'histoire de la population. Il faut savoir aussi que l'échantillonnage induit parfois des biais par une sur-représentation de certaines structures familiales. D'autre part, la présence d'allèles nuls ainsi que les artéfacts de lecture induit une sous-estimation de l'hétérozygotie observée.

Pour tester l'équilibre de Hardy-Weinberg, on définit une hypothèse nulle H_0 (H_0 : la population est en équilibre de Hardy-Weinberg). Ensuite on calcule l'indice de fixation intra-population de Wright (F_{IS}), qui correspondrait à la perte actuelle d'hétérozygotie due à la

consanguinité. Les résultats sont interprétés par rapport à un seuil préalablement fixé (5 %). Si la P-value est inférieure à 0,05, l'hypothèse H_0 est rejetée c'est-à-dire la valeur du F_{IS} dans la population étudiée dévie significativement par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg (déficit en hétérozygotes si les valeurs du F_{IS} sont positives et excès en hétérozygotes si les valeurs du F_{IS} sont négatives). Par contre, si la P-value est supérieure à 0,05, H_0 est acceptée, la valeur du F_{IS} n'est pas significativement différente de 0 et donc la population étudiée est en équilibre de Hardy-Weinberg.

3.5.3. 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.

3.5.3.1. 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 (Toro et Caballero, 2004). Mais si le nombre d'individus typés est faible et le marqueur très polymorphe (microsatellite par exemple), ce paramètre pourrait être sous-estimé et les allèles rares auront peu de chances d'être échantillonnés (Fotsa, 2008). Pour chaque population, nous pouvons calculer la moyenne du nombre d'allèles par locus (N_a) par l'équation suivante :

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

Cependant, ce paramètre tend à augmenter avec la taille de l'échantillon examiné. Pour prendre en compte les différences de taille d'échantillons qui peuvent biaiser les estimations, des méthodes ont été développées pour ramener toutes les populations à une taille d'échantillon comparable, soit par raréfaction (El Mousadik et Petit, 1996), soit par extrapolation (Foulley et Ollivier, 2006). On parle dans ce cas de la richesse allélique (RA), qui est considérée par certains auteurs comme un bon indicateur de la diversité génétique (Petit *et al.*, 1998).

Ainsi, le nombre total d'allèles ne tient pas compte des fréquences alléliques, et donc il donne le même poids à un allèle rare qu'à un allèle très répandu dans la population. Pour pallier à ce problème, le concept de nombre efficace d'allèles a été introduit. Le nombre efficace d'allèles (A_e) est défini comme l'inverse de la probabilité que deux gènes pris au hasard représentent le même allèle (Crow et Kimura, 1970). Si les fréquences sont toutes égales entre

elles, le nombre efficace d'allèles est égal au nombre total d'allèles détecté pour un locus donné. Dans les autres cas, le nombre efficace est inférieur au nombre total d'allèles de ce locus : il est d'autant plus faible que les fréquences sont déséquilibrées.

Pour un locus i à k allèles A_1, A_2, \dots, A_k de fréquences p_1, p_2, \dots, p_k , le nombre efficace d'allèles est :

$$Ae = 1/(p_1^2 + p_2^2 + \dots + p_k^2) = 1/\sum p^2$$

Enfin, L'existence d'allèles spécifiques à certaines races, qu'on appelle aussi allèles "privés", définit la contribution d'une race à la diversité allélique d'un ensemble de races (Ollivier et Foulley, 2013).

3.5.3.2. 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. Le taux d'hétérozygotie observée (H_o), nombre d'individus effectivement hétérozygotes, est calculé par le rapport entre le nombre d'animaux hétérozygotes et le nombre total d'animaux typés pour le locus considéré. Le taux d'hétérozygotie attendue (H_e), selon l'hypothèse que la population est en EHW, est la probabilité que 2 individus choisis aléatoirement dans une population aient des allèles différents d'un locus donné (Nei, 1973). Il est calculé par l'équation suivante :

$$He = 1 - \sum (p_i)^2$$

En comparant ces deux indices, il est possible de déduire la manière dont les couples de reproducteurs sont constitués. Un faible niveau d'hétérozygotie au niveau de tous les loci étudiés indique généralement une population plutôt consanguine.

3.5.3.3. 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 (Boichard et al., 1998). 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) (Leroy, 2008). Soit un locus à n allèles, l'allèle i ayant une fréquence p_i dans la population, le PIC de ce locus se calcule comme suit :

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

3.5.4. Indicateurs de la variabilité génétique entre populations

3.5.4.1. Indices de différenciation génétique

- **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), dans le cadre de l'analyse par décomposition hiérarchique de la diversité génétique. Pour les loci multialléliques, 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 génétique (G_{ST}) estime la différenciation entre les sous-populations (Nei, 1973).

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

- **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). Ils sont liés par la relation :

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

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 de fixation (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-statistiques de Wright permettent ainsi de connaître la structure génétique d'une population et ils peuvent être estimés à partir des composantes de la variance obtenue d'une analyse hiérarchisée des fréquences géniques, appelée AMOVA "Analysis of molecular variance".

3.5.4.2. Distances génétiques et arbres phylogénétiques

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 considéré que la distance génétique entre les sous-populations augmente en fonction du temps de leur divergence à partir de la population d'origine (González-Candelas et Palacios, 1995). 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), et celle de Reynolds *et al.* (1983).

La distance standard de Nei (1972) D_s , basée sur les distances arithmétiques entre fréquences alléliques, constitue la distance la plus classiquement utilisée. Soit x_{ij}

(respectivement y_{ij}) la fréquence de l'allèle i du $j^{\text{ième}}$ locus au sein de la population x (respectivement y), et r le nombre de locus étudiés, D_s est calculée ainsi :

$$D_s = -\ln\left(\frac{\sum_j \sum_i x_{ij}y_{ij} / r}{\sum_j \sum_i x_{ij}^2 / r \sum_j \sum_i y_{ij}^2 / r}\right)$$

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 de fixation 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.

Dans le cas où plus de deux populations sont analysées et que toutes les paires possibles de distances sont estimées, une matrice de distances peut être construite. A partir de cette matrice, les arbres sont établis en utilisant, en général, deux méthodes. La méthode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages*) agglomère itérativement les populations les plus proches (Sokal, 1958). Cette méthode suppose que les vitesses d'évolution sont identiques entre les différentes branches de l'arbre (hypothèse de l'horloge moléculaire) et donc que la distance mesurée sur l'arbre entre deux populations est proportionnelle au temps de divergence entre ces deux populations. Le principe du Neighbor-Joining (NJ) (Saitou et Nei, 1987) consiste à minimiser la longueur totale de l'arbre. Cette méthode n'impose aucune contrainte dans les vitesses d'évolution entre les lignées (pas d'horloge moléculaire) et permet l'élaboration d'arbres non enracinés. En effectuant des tirages au sein des allèles et en calculant la fréquence de chaque regroupement à partir des arbres ainsi constitués (bootstraps), il est possible de tester la stabilité des embranchements obtenus au sein d'un arbre (Sokol et Rohlf, 1981).

3.5.5. 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), 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, les individus composant chacun de ces groupes et éventuellement les individus métissés. Plusieurs méthodes permettent d'effectuer ce type d'analyse. Les approches bayésiennes cherchent à distinguer les différents types de structures génétiques qui peuvent apparaître à diverses échelles géographiques 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.

Une des premières méthodes bayésiennes permettant de détecter la structure génétique des populations a été proposée par Pritchard et al. (2000) ; elle est implémentée dans le logiciel Structure. Il s'agit d'un modèle hiérarchique bayésien qui constitue la base de nombreuses méthodes actuelles. Le modèle de Structure suppose l'existence de K populations (non prédéfinies), et chacune d'entre elles est caractérisée à chaque locus par un ensemble de fréquences alléliques. Le logiciel induit une matrice q représentant les coefficients de métissage (q -value) de chaque individu. Plus précisément, chaque coefficient de cette matrice représente la fraction de génome de l'individu i provenant du groupe ancestral k . Cette méthode peut être très utile pour détecter l'introgession et identifier les populations homogènes (Berthouly, 2008).

Chapitre III

Approches de gestion et de conservation des ressources génétiques animales

La gestion et la préservation de la variabilité génétique au sein et entre les populations passent par le maintien de toutes les populations existantes. Les approches à suivre sont fixées en fonction de leur statut et des objectifs que l'on se fixe.

Dans le cas des populations menacées dont l'objectif majeur est d'éviter leur disparition, les méthodes de gestion vont dans le sens de la diminution de la consanguinité. Quant aux populations locales dont l'avenir n'est pas menacé et l'objectif est que ces populations ne tombent pas dans la catégorie précédente, le meilleur moyen étant alors de retrouver, à chacune de ces populations, une niche « écologique » (exploitation d'un milieu présentant des contraintes particulières) et/ou « économique » (type de chair, de ponte, etc.). Concernant les races exploitées et sélectionnées à une échelle nationale ou internationale, l'objectif majeur est de maintenir la variabilité intra-population. Dans ce chapitre, nous présentons, en bref, les différentes approches de gestion et de conservation des ressources génétiques animales.

1. Approches de gestion

1.1. Approches simples

Dans les populations d'élevage, les reproducteurs mâles sont les moins nombreux. Les voies conduisant à leur choix et la manière dont ils sont utilisés ont le plus d'impact sur l'évolution génétique, qu'il s'agisse de progrès génétique ou d'évolution de la variabilité. Leur choix devra respecter quelques principes bien établis par la théorie de la génétique des populations résumés comme suit : (i) les reproducteurs mâles doivent être aussi nombreux que possible ; (ii) les tailles de la descendance des reproducteurs mâles doivent être homogènes ; (iii) les reproducteurs mâles doivent être renouvelés rapidement. Si les deux premiers principes découlent de l'expression analytique de l'effectif génétique d'une population, le renouvellement rapide des mâles, dont l'efficacité est prouvée par la simulation, constitue un moyen de bien

représenter les gènes des fondateurs femelles et d'éviter de favoriser outrageusement les gènes d'un reproducteur mâle donné.

1.2. Apport potentiel des marqueurs

Les données moléculaires sont aujourd'hui nombreuses pour plusieurs espèces et permettent de mieux appréhender l'analyse et la structuration de la diversité génétique entre races et au sein des races. De manière générale, les marqueurs permettent tout d'abord d'affilier les animaux à des familles dans les situations où il est malaisé ou impossible d'enregistrer les généalogies. Cela donne ainsi accès aux méthodes de gestion de la variabilité et au-delà, il est possible de choisir les reproducteurs présentant le plus de variabilité pour un ensemble de marqueurs. Deux principales stratégies permettent d'aller dans ce sens : choisir préférentiellement des reproducteurs hétérozygotes ou choisir préférentiellement des reproducteurs porteurs d'allèles rares (Verrier *et al.*, 2005). Elles devraient aussi aider à raisonner les choix de conservation (races, effectifs...) et contribuer à une plus large valorisation du matériel. Dans le cas de sélection ou d'élevage récent, l'approche moléculaire devrait aussi permettre de distinguer les animaux des filières de production de ceux des populations naturelles (Fotsa, 2008).

2. Approches de conservation

Les approches générales de préservation des races animales indigènes comprennent la conservation ex situ et in situ. L'approche ex situ peut être de deux types: (i) in vivo, c'est-à-dire la conservation des animaux à l'extérieur de leur environnement d'origine (dans les centres nationaux, les zoos, ...); (ii) in vitro, par la préservation du matériel génétique (spermes, ovocytes, ...) dans un environnement artificiel par cryoconservation.

La conservation in vivo génère beaucoup de critiques du fait que les animaux ne co-évoluent pas avec l'environnement et donc ne peuvent pas être adaptés aux futurs changements écologiques et économiques. La cryoconservation permet, par le biais de l'insémination artificielle, une meilleure gestion des mâles

parentaux en vue de limiter la consanguinité. Elle est aussi utile pour le renforcement, voire la reconstitution de races en voie d'extinction (BRG, (Bureau des Ressources Génétiques), 1998).

Par ailleurs, l'approche in situ s'effectue avec des animaux vivant dans leurs conditions habituelles d'exploitation. Elle est la meilleur façon de les conserver dans leurs contextes sociaux et écologiques.

La conservation in situ doit être privilégiée dans la mesure du possible, et la conservation ex situ doit être considérée à la fois comme un moyen complémentaire et une assurance à très long terme. Or, dans les pays en développement, la conservation des ressources génétiques animales ne peut représenter une priorité que si elle est liée à la lutte contre la pauvreté, la sécurité alimentaire et/ou la préservation des écosystèmes.

Chapitre IV

Généralités sur la poule domestique

La poule domestique (*Gallus gallus domesticus*) est un oiseau qui appartient à l'ordre des "galliformes", à la famille des "phasianidés" et au genre "Gallus" (Tableau I). A cause des caractéristiques spécifiques des femelles ou des mâles, l'espèce est souvent définie par le nom coq ou poule mais dans la plupart des cas, le nom poule désigne les deux sexes.

Tableau I : Systématique de *Gallus gallus domesticus* (Singhapol, 2003).

<i>Règne</i>	<i>Animal</i>
<i>Sous-règne</i>	<i>Métazoaires</i>
<i>Embranchement</i>	<i>Chordés</i>
<i>Sous-embranchement</i>	<i>Vertébrés</i>
<i>Classe</i>	<i>Oiseaux</i>
<i>Ordre</i>	<i>Galliformes</i>
<i>Famille</i>	<i>Phasianidés</i>
<i>Genre</i>	<i>Gallus</i>
<i>Espèce</i>	<i>Gallus gallus domesticus</i>

1. Origine et domestication

1.1. Origine et distribution

Il y a plus d'un million d'années, le genre *Gallus* était probablement constitué d'une seule population s'étendant sur tout le continent eurasiatique. Pendant les périodes de glaciation, le genre *Gallus* se serait trouvé divisé en trois groupes : le groupe méditerranéen ou moyen-oriental, le groupe indien et celui d'Asie de l'Est. Seul le groupe indien aurait survécu et évolué pour donner naissance aux quatre espèces actuellement reconnues (Figure 4) : *Gallus varius* trouvé le long de la côte de Java, *Gallus sonnerati* rencontré en forêt dans le Sud-Ouest du continent Indien, *Gallus lafayetti* rencontré dans la zone boisée en Ceylan et *Gallus gallus* (*G. g.*) ou coq rouge de jungle. Ce dernier ressemble à certaines races domestiques de la variété rouge dorée. C'est celui qui possède l'aire d'extension actuelle la plus vaste et il est divisé en cinq sous-espèces : *G. g. gallus* en Thaïlande et dans les régions voisines, à oreillons blancs ; *G. g. spadiceus* au Myanmar et en Chine, à oreillons rouges ; *G. g. jabouillei* au sud de la Chine et au Vietnam, à oreillons blancs ; *G. g. murghi* en Inde, à oreillons blancs et *G. g. bankiva* endémique de l'Île de Java, à oreillons rouges (Coquerelle, 2000).

La plupart des auteurs pensent que l'espèce ancestrale de la poule serait le *Gallus gallus* (poule de jungle Asiatique). Celle-ci donne non seulement des produits fertiles avec les poules domestiques actuelles mais partage en outre le chant et le plumage. Sa diffusion s'est effectuée graduellement, allant de l'Est à l'Ouest et a fini par couvrir le globe (Figure 5). La vitesse de diffusion a été estimée à 1,5-3 Kilomètre (Km) par an de l'Asie à l'Europe (Crawford, 1990). Des découvertes archéologiques effectuées dans la Vallée de l'Indus et la province chinoise de Hebei suggèrent que la poule domestique dériverait du coq rouge de jungle, depuis au moins 5400 ans avant J-C. (West et Zhou, 1988). Les données récentes en génétique moléculaire ont tendance à favoriser l'hypothèse de l'origine polyphylétique, impliquant au moins trois grandes zones de domestication à travers l'Asie du Sud et du Sud-Est et impliquant les sous-espèces *Gallus gallus gallus*, *Gallus gallus jabouillei* et *Gallus gallus spadiceus* (Liu et al., 2006).



Gallus gallus



Gallus lafayetti



Gallus sonnerati



Gallus varius

Figure 4 : Quatre espèces du genre *Gallus* (Ceccobelli, 2013).

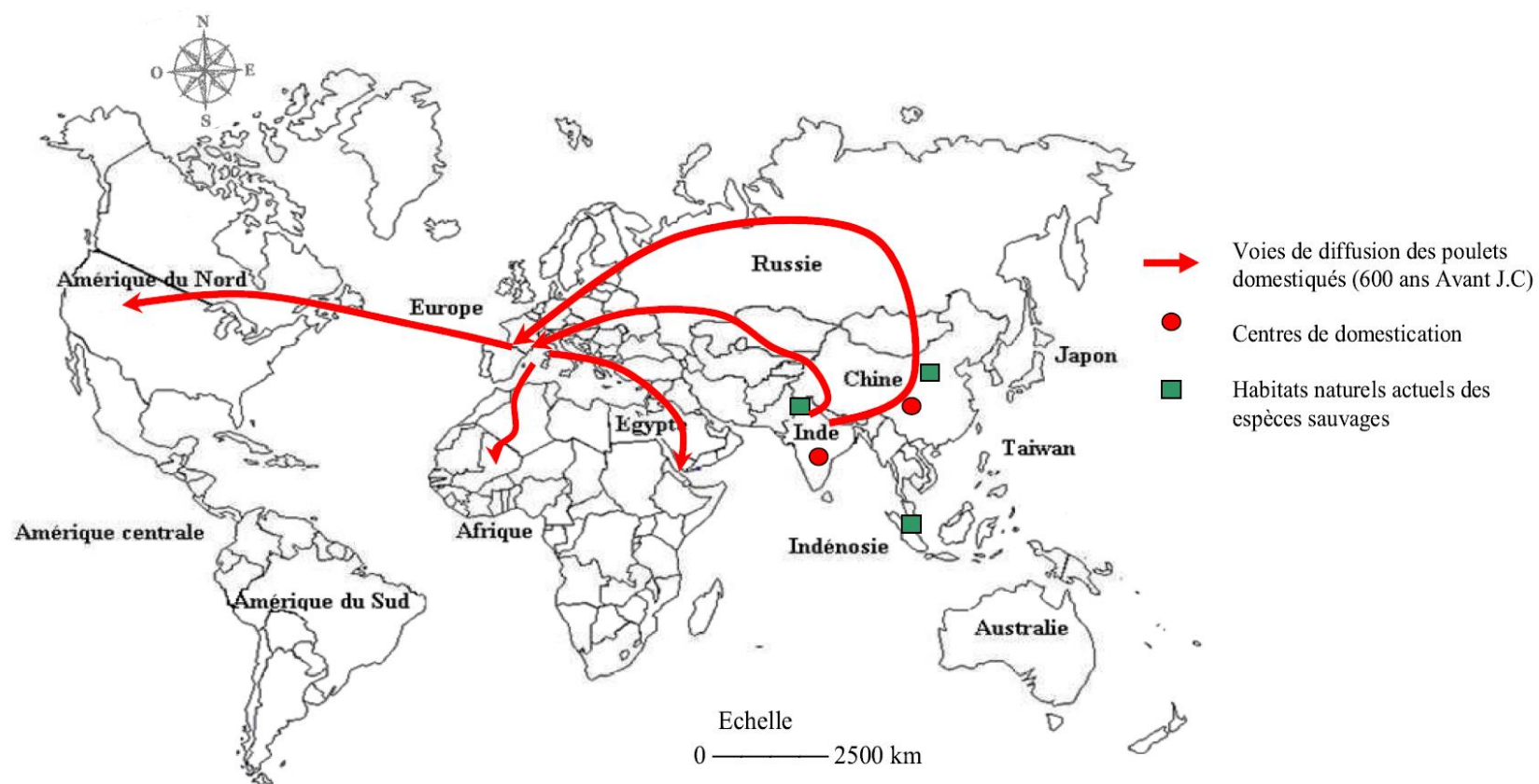


Figure 5 : Habitats naturels, centre de domestication et voies de diffusion des espèces *Gallus gallus* dans le monde (Loukou, 2013).

L'introduction des poules en Afrique n'est pas très documentée. En Egypte, la première représentation d'un coq remonte à 1400 ans avant J-C, mais aucune autre trace n'a pu être retrouvée jusqu'à environ 600 avant J-C. Cela pourrait s'expliquer par la diminution des échanges commerciaux avec l'Inde *via* la Mésopotamie (Coltherd, 1966). Puis, des restes squelettiques indiquent, de nouveau, sa présence en Egypte en 332 avant J-C, tandis que les recherches récentes en Afrique Subsaharienne situent la présence des poules en Afrique au 5ème siècle de notre ère, bien avant l'arrivée des européens (MacDonald et Edwards, 1993).

1.2. Domestication

Le coq sauvage était considéré comme oiseau sacré, il était interdit de le tuer. Du fait qu'il était vénéré et qu'il n'était pas pourchassé, le coq sauvage s'est habitué à la présence des hommes qui l'aimaient pour son chant très matinal qui annonçait la venue du jour. Il semble bien en effet que la première raison de la domestication de la poule soit le coq et son caractère belliqueux pendant la période d'activité sexuelle (combats de coqs) (Coquerelle 2000). Néanmoins, un autre scénario est conçu récemment par Rubin *et al.* (2010) grâce aux résultats des techniques de génomique qui ont permis de repérer des signatures de sélection ; cela concerne la mutation au niveau du gène TSH (Thyroid Stimulating Hormone) dont l'expression est directement impliquée dans la régulation de la reproduction. Cette mutation est absente du génome du coq *Bankiva* mais elle est présente dans le génome de huit races domestiques. Sachant que contrairement à leur parent sauvage, les races domestiques peuvent pondre toute l'année, et produisent de plus gros œufs, Rubin *et al.* (2010) ont proposé le scénario suivant : certaines poules sauvages ont montré une prédisposition à pondre au-delà de la période de reproduction habituelle en raison d'une mutation naturelle. En croisant de tels individus avec d'autres, et en ne retenant à chaque génération que les poules ayant cette faculté, les éleveurs ont pu amener la mutation en jeu à s'établir dans le génome d'une majorité de descendants, alors elle aurait contribué à créer de nouvelles races domestiques, capables de pondre une grande partie de l'année.

2. Analyse du génome de la poule domestique

Le caryotype normal de la poule ($2n = 78$) est constitué de 38 paires d'autosomes, morphologiquement différents et classés par ordres de tailles décroissantes, et d'une paire de chromosomes sexuels Z et W. Les femelles sont hétérogamétiques (ZW) et les mâles homogamétiques (ZZ). Les huit premières paires chromosomiques, et aussi les gonosomes, sont des macrochromosomes (de taille comprise entre 40 et 250 Méga base (Mb)) dont les six premières paires représentent approximativement 65 % de la longueur totale du caryotype (Figure 6). Les microchromosomes sont quasiment indiscernables les uns des autres, pourtant leur importance génétique est loin d'être négligeable (Douaire *et al.*, 1998). En effet, ils représentent environ un quart à un tiers du génome total alors qu'ils contiennent plus de 50 % des gènes (Burt, 2002).

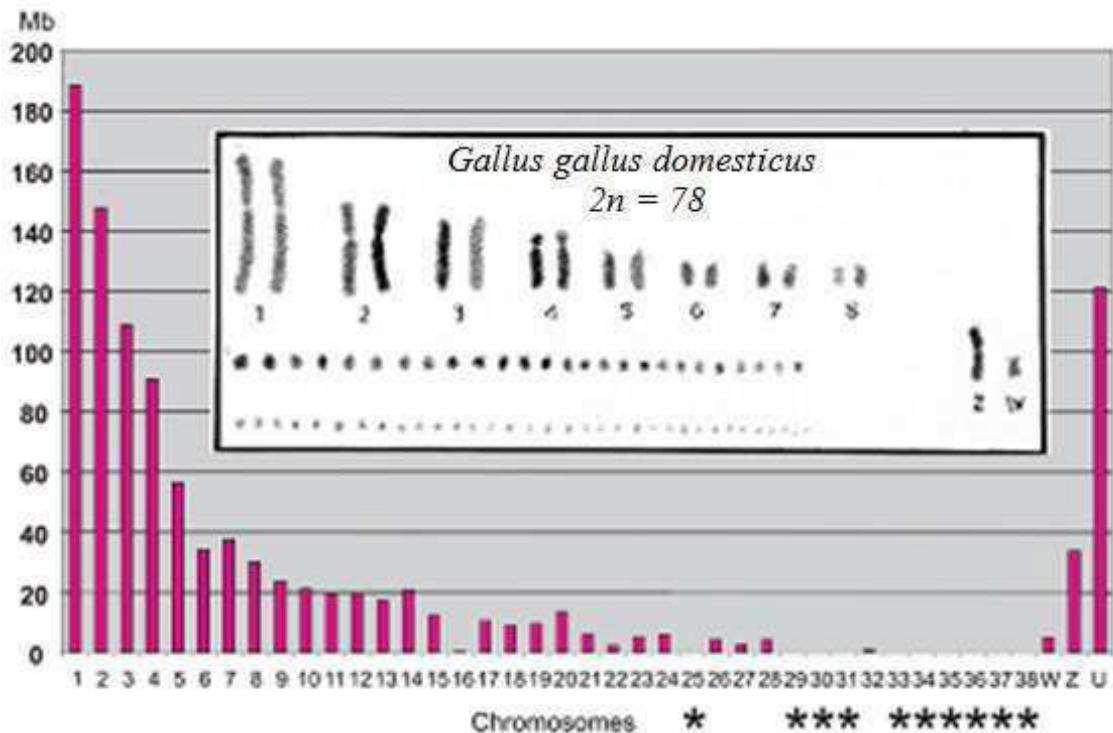


Figure 6 : Séquences et chromosomes de *Gallus gallus domesticus* (Loukou, 2013).

Le caryotype montre les chromosomes de poule au stade métaphase de la mitose. L'histogramme présente la longueur de séquence en Méga base (Mb), assignée aux différents chromosomes. Les étoiles (*) repèrent les microchromosomes pour lesquels aucune longueur de séquence n'a pu être assignée. U : séquence "chrUn", non attribuée à un chromosome.

Le génome de la Poule fait l'objet depuis plusieurs années d'une étude de cartographie génétique approfondie dans le but d'accéder à des gènes correspondant aux QTL d'intérêt zootechnique (Tixier-Boichard *et al.*, 1997). La poule était parmi les premières espèces d'élevage à avoir eu une carte classique assez développée, en raison, d'une part, du nombre assez élevé de mutations morphologiques et, d'autre part, de la facilité à produire des familles assez grandes pour étudier la ségrégation d'un gène à effet visible. Le développement des marqueurs moléculaires a permis de construire une carte beaucoup plus complète couvrant tous les chromosomes avec un réseau de marqueurs. La carte génétique de la poule comporte actuellement près de 2000 marqueurs couvrant 3800 centimorgan (cM), répartis en 50 groupes de liaison (Groenen *et al.*, 2000).

Les cartographies classiques et moléculaires ont présenté des limites dans la détermination et la localisation des gènes. Cette insuffisance a été comblée avec le séquençage de génome entier. Le génome de la poule est le premier à être entièrement séquencé parmi les animaux d'élevage (Hillier *et al.*, 2004). Il a été publié en 2004 sur le site www.genome.gov/11510730. La longueur totale du génome est estimée à plus de 1000 Mb. Il est possible actuellement de détecter facilement l'emplacement des loci à effet quantitatif (QTL) contrôlant les caractères d'importance économique, les marqueurs microsatellites et les SNP. La carte génétique de poule est visualisable à partir du site <http://www.thearkdb.org>.

3. Gènes à effets visibles

La poule présente une grande diversité de phénotypes. En effet, de nombreuses mutations affectant la couleur de la plume ou de la peau ont été décrites. Ainsi, les premiers marqueurs utilisés par les éleveurs dans la gestion des populations de poules ont été des loci affectant le polymorphisme visible (sous-entendu visible à l'œil nu : gènes de coloration, de nanisme, etc.) (Tixier-Boichard *et al.*, 1997).

Les travaux de Coquerelle (2000) réalisés sur les races de poules locales de France ont permis de mieux comprendre la transmission des caractères qualitatifs tels que la couleur de plumage, la couleur des tissus et des appendices (tarses, crête, peau, oreillons), la forme de la crête, la forme du squelette, la structure, la répartition et les dessins du plumage et d'autres caractères qualitatifs visibles (Figure 7). Ces caractères sont sous la dépendance de plusieurs gènes à effet visible (Tableau II). La plupart de ces gènes ont un mode de transmission mendélien (Coquerelle, 2000). De multiples interactions entre eux produisent une grande

variété phénotypique, et leur répartition ou leur fréquence peut nous renseigner sur l'histoire des populations depuis leur domestication (Fotsa, 2008).

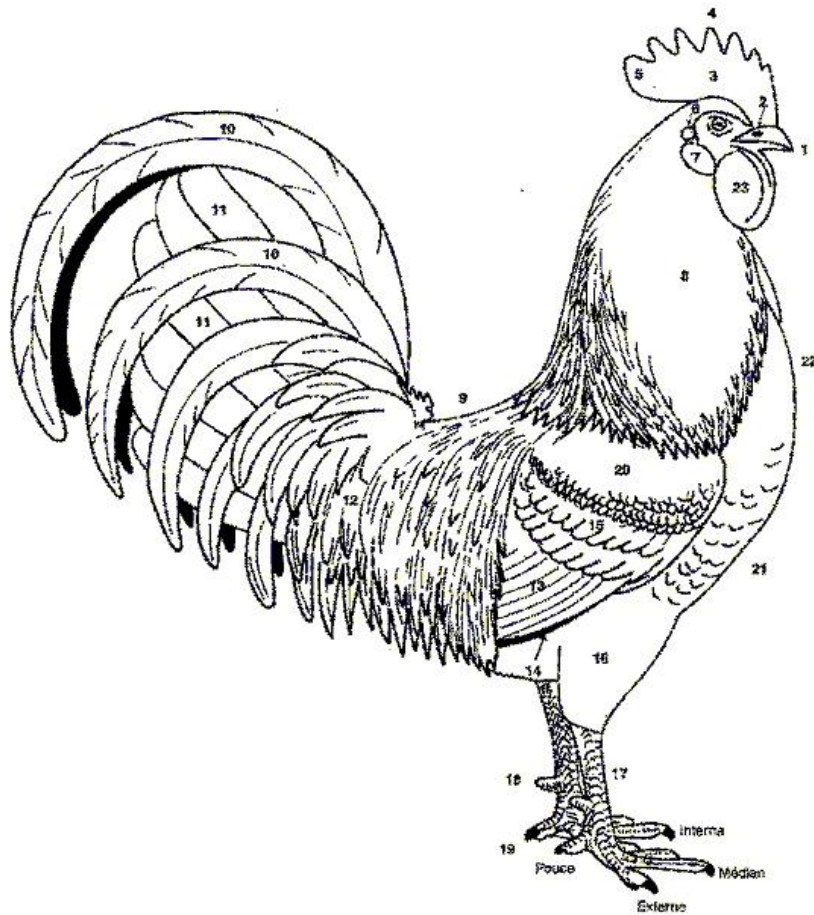


Figure 7 : Différentes parties visibles du corps d'un coq servant à sa description physique (Coquerelle, 2000).

1 : bec ; 2 : narines ; 3 : crête ; 4 : crétilons ; 5 : lobe de la crête ; 6 : plumes d'oreilles ; 7 : oreillons ; 8 : camail (couvrant le cou) ; 9 : selle (dos) ; 10 : faucilles ; 11 : rectrices (7 ou 8 paires) ; 12 : lancettes ; 13 : rémiges secondaires ; 14 : rémiges primaires ; 15 : grandes couvertures ; 16 : pilon ; 17 : tarsi (pattes) ; 18 : ergots ; 19 : pouces et doigts ; 20 : petites couvertures ; 21 : poitrine ; 22 : plastron ; 23 : barbillons.

Tableau II : Exemples des gènes à effets visibles chez la poule locale (Bessadok et al., 2003).

Effet sur	Expression	Gènes
La longueur des plumes	huppe	Cr
	barbe et favoris	Mb
La structure des plumes	frisé	F
	soyeux	h
La répartition des plumes	cou nu	Na
	tarses emplumés	Pti
La forme de la crête	rosacée	R
	rosacée hérissée	R et He+
	rosacée lisse	R et heI
	en pois	P
	en noix	R et P
	double	Dv
La couleur des tarses et de la peau	pigment jaune de l'épiderme	w
	pigment noir du derme	id+
	tarses noires	MI et E
	fibro-mélanose (nègre)	Fm et id+
Le squelette	Polydactylie	Po
	normal	Dw+
	nain à tarses courtes	dw
	nain	dwB
La couleur du plumage	tout noir	E
	noir étendu	ER
	type perdrix	eb
	type sauvage	e+
	noir restreint	ewh
	restriction du noir	Co
	noircit certaines zones de plumage	MI
	argenté	S
	doré	s+
	albinisme imparfait	sal
	blanc récessif	c
	inhibe le noir	I
	inhibe le doré	ig
	barrure liée au sexe	B
	plumage caillouté	mopi
dilution du noir en gris clair et du rouge en jaune	lav	

Les gènes de coloration ont été utilisés pour la création des races standardisées (Tixier-Boichard *et al.*, 2006). Ces gènes influencent la production, la qualité des produits, la résistance aux maladies et la reproduction des volailles (Lariviere et Leroy, 2008). Ainsi, l'identification de certaines mutations peut servir de modèle pour la recherche biomédicale. En effet, les gènes du plumage barré (B) et non barré (b) sont utilisés comme modèles d'étude des maladies pigmentaires de la peau chez l'humain (Bowers *et al.*, 1994). Les gènes de coloration du plumage liés au sexe, permettent aussi de définir le sexe des poussins à un jour par la couleur du duvet substituant ainsi le sexage par voie anatomique, qui exige une main-d'œuvre qualifiée et coûteuse (Lariviere et Leroy, 2008). Le gène "absence de queue" (Rp), caractérisé par le manque de vertèbres coccygiennes est observé en outre chez la race Barbu de Grubbe. Cette dernière procure un modèle utile pour étudier les déviations de la colonne vertébrale (scoliose polygénique aviaire) chez l'embryon de poulet (Mochida *et al.*, 1993). Les gènes "barbe et favoris" (Mb), "huppe" (Cr) et "tarses emplumés" (Pti), causant des variations pléiotropiques dans la disposition des plumes, permettent l'étude de la morphogenèse, la pathogenèse et l'éthologie, affectant souvent le comportement et la viabilité des poules (Bartels, 2003). Par exemple, la masse de plumes des races "barbues" ou "huppées aveugles", engendre dans certains cas, des sujets craintifs, parfois même incapables de se reproduire ou d'accéder aux aliments (Lariviere et Leroy, 2008). De plus, cela les rend particulièrement sensibles à l'humidité et aux salissures favorisant ainsi l'apparition de certaines maladies respiratoires ou mycosiques (Coquerelle, 2000).

Parmi les gènes qui ont acquis une grande importance dans les études sur la poule locale en Afrique, on trouve le gène *Na* pour le phénotype cou nu, le gène *F* pour le frisé et les gènes de nanisme *dw*, *dw^M*, *dw^B* et *adw*.

Le phénotype cou nu est contrôlé par le gène *Na*, unique, autosomal et de dominance incomplète. Le génotype *Na/na+* présente une touffe de plumage dans la partie ventrale du cou au-dessus du jabot alors que le génotype *Na/Na* n'a pas de touffe ou bien elle est réduite à un petit plumage (Somes Jr, 1990). L'importance du gène du cou nu est liée à son association à la tolérance à la chaleur. La réduction de la couverture du plumage de 30 à 40 % chez le cou nu facilite une meilleure dissipation de la chaleur et améliore la thermorégulation ayant pour résultat une relative tolérance à la chaleur dans les climats chauds. Ce phénotype engendre aussi une augmentation du rendement de la carcasse, du taux de ponte, du poids moyen de l'œuf et de la dureté de la coquille de l'œuf (Merat, 1986).

Le plumage frisé est exprimé par un gène F , unique, autosomal et de dominance incomplète. Cette dominance est réduite par un autre gène autosomal récessif modifiant, mf (Hutt, 1949). Au niveau des oiseaux de génotypes homozygotes non modifiés, les rachis de toutes les plumes sont extrêmement recourbés. Les plumes sont facilement cassables et donc les oiseaux apparaissent presque dénudés. Le gène modifiant amoindrit les aspects extrêmes de l'homozygote et de ce fait celui-ci apparaît moins laineux. L'effet de ce gène dans la production est favorable ; en effet on observe par une augmentation du nombre d'œufs pondus et de la masse de l'œuf, ainsi que la réduction de la mortalité à des températures élevées (Merat, 1990).

Le nanisme a été décrit en détail par Somes (1990), que ce soit le nanisme lié au sexe avec trois différents gènes (dw , dw^M , dw^B) ou le nanisme autosomal (adw). Il affirme que le nanisme lié au sexe, dw , est un gène récessif. Ce gène a un plus grand effet de nanisme, comparé aux autres gènes découverts auparavant. Les mâles ont leur taille réduite de 43 % alors que les femelles ont des tailles réduites de 26 à 32 %. On remarque que les oiseaux ont une fertilité et un taux d'éclosion aussi bon que les poulets normaux mais la dimension des œufs est réduite de 10 %.

Le gène de nanisme de la poule Bantam (dw^B) est récessif lié au sexe. L'effet de ce gène est minime comparé aux autres nanismes liés au sexe. Il a été démontré que ce gène entraîne une réduction de la taille de la femelle allant de 5 à 11 % comparé aux femelles normales ($Dw+/-$). Chez les mâles, la taille de l'hétérozygote $Dw+/dw^B$ est réduite de 5 % alors que les homozygotes $dw+/dw+$ ont une taille réduite de 14 % comparés aux mâles normaux $Dw+/Dw+$. L'allèle dw^B semble être récessif par rapport à son allèle normal incomplètement dominant $Dw+$ et dominant comparé à l'allèle dw (Somes, 1990).

Le gène du nanisme de MacDonald, dw^M est unique, récessif, lié au sexe et localisé au même locus que le gène dw mais il est différent de l'allèle dw^B , car le dw^M réduit le poids vif corporel de la femelle de 13,5 % et la longueur du tarse de 9 %, avec des oiseaux tout à fait distinguables des normaux par leur petite taille.

Enfin, le seul gène de nanisme autosomal connu (adw) est un gène autosomal unique, avec un effet de réduction de la taille du corps de 30 % et facilement distinguable lorsque les oiseaux ayant ce gène ont entre 6 et 8 semaines d'âge. Ces oiseaux ont une excellente viabilité et une bonne production d'œufs, comparés aux normaux. Cependant, le taux d'éclosion est réduit.

4. Évolution de la diversité génétique de la poule domestique

La diversité génétique de l'espèce *Gallus gallus domesticus*, constituée d'un ensemble de populations (Figure 8), serait le résultat d'une domestication de 7 à 8 millénaires à travers une dissémination qui fût assurée par les migrations humaines (West et Zhou, 1988). Les éleveurs ont observé et mis à profit les modifications génétiques, et par une sélection ciblée de certains types génétiques et la pression sur leur variabilité, ils ont créé une extraordinaire diversité représentée par des centaines de races de poules. Cette variabilité concerne aussi bien les caractères extérieurs (forme physique, couleur du plumage, huppés, plumage soyeux, absence de queue, cou nu, forme naine...) que les performances de production (viande ou œufs).

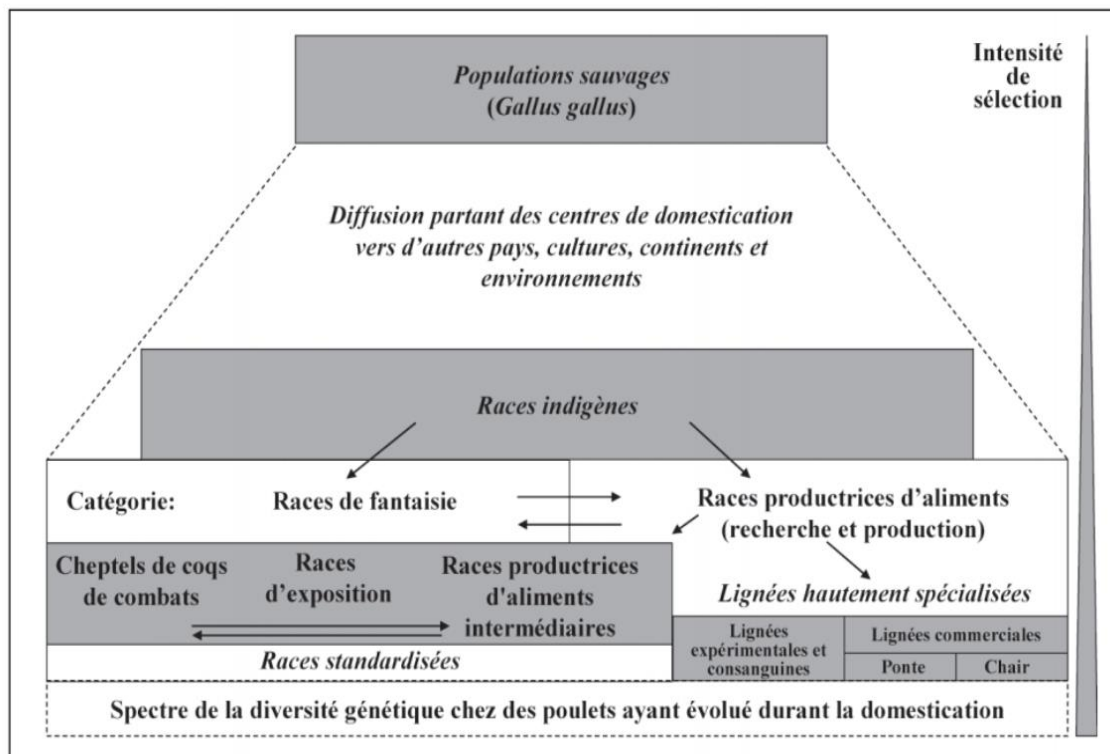


Figure 8 : Évolution de la diversité génétique de la poule domestique (Larivière et Leroy, 2008).

4.1. Races traditionnelles

En Europe, nous distinguons deux catégories : la première concerne les races destinées pour la production. Un total de 238 races traditionnelles de poulet provenant de 34 pays, d'origines différentes, a été inventorié (Larivière et Leroy, 2008). Ce sont des races pures, standardisées, généralement, à très petits effectifs et élevées dans un système nommé « en basse-cour ». La deuxième catégorie regroupe les races d'oiseaux d'ornement et des coqs combattants. Ces oiseaux représentent, ensemble, une diversité non négligeable et plusieurs pays ont mis au point des programmes pour les conserver dans des institutions de recherche.

En Afrique, Il n'existe pas de races autochtones, à proprement dit, mais des «populations» non standardisées, à plumage varié avec quelques traits communs (FAO, 2013). Elles sont très rustiques et cette qualité particulière leur permet de survivre dans les villages sans aucun soin particulier : elles peuvent vivre en divagation, sans aucune infrastructure de logement, alimentation ou abreuvement. En l'absence de tout programme de sélection, ces populations restent caractérisées par une diversité génétique considérable mais avec de faibles performances zootechniques.

4.2. Races reproductrices

La production d'œufs et de viande de volailles a connu une évolution spectaculaire au XX^e siècle, pour aboutir à une véritable industrie avicole dans les pays développés. On distingue deux types : les lignées commerciales hautement sélectionnées et les lignées labels à croissance lente.

4.2.1. Lignées commerciales

En Europe, vers les années 50 et 60, l'utilisation des animaux croisés ou hybrides aux performances plus élevées s'est imposée en élevage de volailles de rente. La conséquence en fut forcément la séparation entre l'élevage commercial et l'élevage des races pures. Les élevages d'amateurs des races pures se consacrent au maintien de la diversité génétique et la sélection pour des caractères phénotypiques, tandis que les critères de productivité ont été exploités par les sélectionneurs industriels et les instituts de recherche (Larivière et Leroy, 2008).

Les objectifs primordiaux de l'élevage avicole commercial sont la production des œufs et la production de viande. L'association génétique de ces deux objectifs est cependant difficile et quelque peu antagoniste, car la performance de ponte et le poids corporel présentent une corrélation génétique négative. Ce constat a conduit à une séparation complète des lignées de ponte et d'engraissement. Pour les poulets de chair, les sélectionneurs orientent la recherche vers une production de poulet jouissant d'une bonne qualité et quantité de la carcasse (Beaumont et Chapuis, 2003). Chez les poules pondeuses, les caractères relatifs à la qualité des œufs (solidité de la coquille, proportion du jaune et la recherche du poids optimum de l'œuf) ont reçu une attention soutenue (Tixier-Boichard, 1992).

Le processus de cette production se base sur deux mouvements : sélection et hybridation (Figure 9). L'hybridation repose sur le croisement de différentes races ou lignées. Par l'effet d'hybridation également appelé «effet d'hétérosis», les produits du croisement ou « hybrides » présentent une plus grande aptitude à la performance et une meilleure vitalité que les races pures d'origine (surtout si les croisements se font entre lignées très éloignées sur le plan phylogénétique). Alors ces dernières ne sont pas sélectionnées pour leurs performances en tant que races pures, mais en fonction des performances de leurs descendants après croisement avec d'autres lignées. Sur la base de la performance des descendants de divers croisements, le meilleur accouplement est retenu. L'hybridation est donc basée sur l'exploitation et la sélection des aptitudes résultant de la combinaison des caractères de grands-parents dont la performance des petits-enfants est intéressante. Ce type de sélection est appelé Sélection Récurrente-Réiproque (RRS) (Bisimwa, 2003).

La supériorité des performances des animaux croisés se perd au cours des générations. C'est la raison pour laquelle les produits finaux destinés à la production d'œufs et de chair ne sont pas utilisés pour la poursuite de la sélection et c'est de là que provient la dépendance, des pays en développement, vis-à-vis des entreprises de sélection (Moula, 2012).

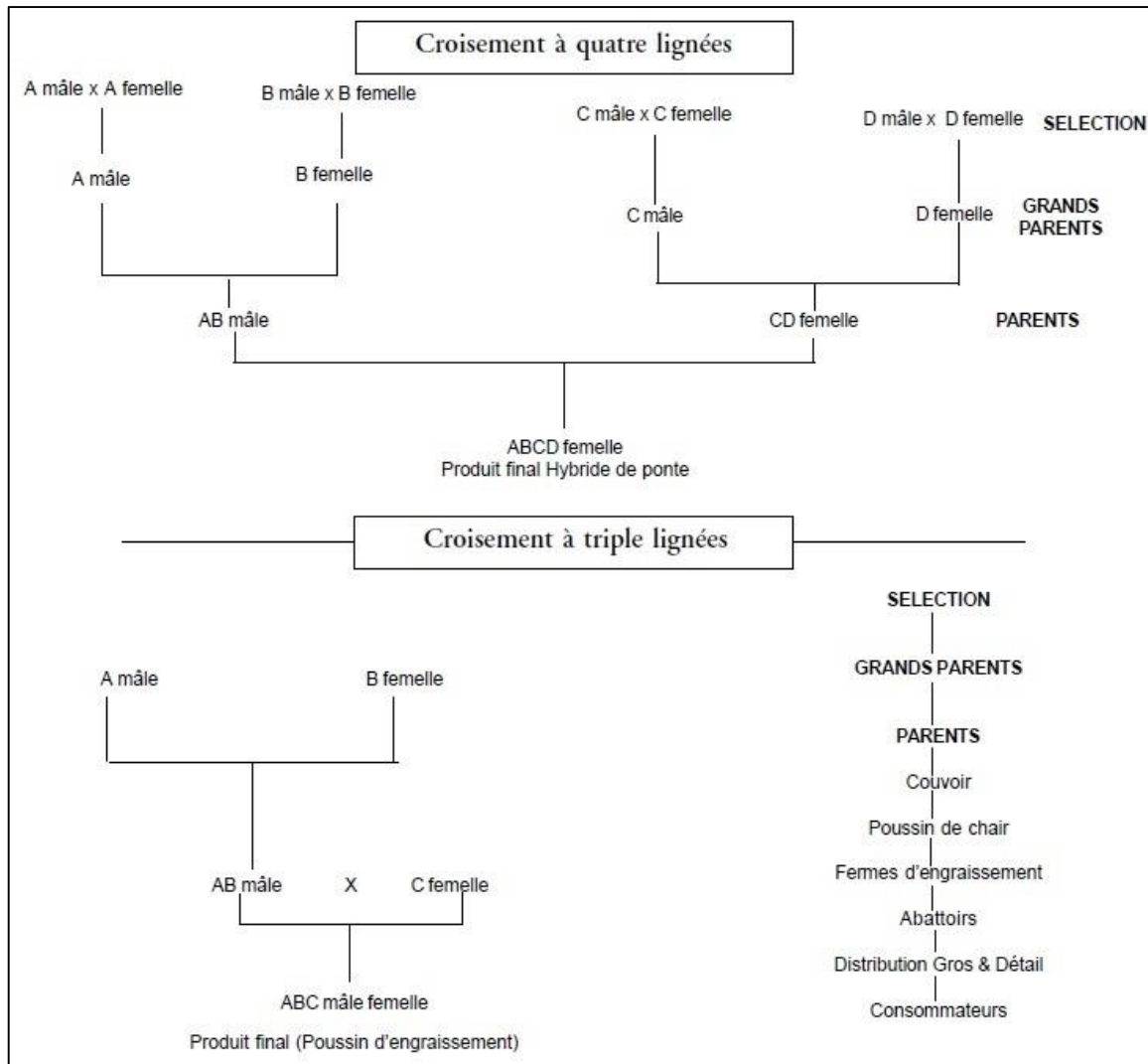


Figure 9 : Principe d'hybridation en aviculture (Bisimwa, 2003).

4.2.2. Poulets labels

Le poulet label est un poulet, amélioré aux performances intermédiaires, à plumage coloré et à croissance lente et qui est élevé sous mode extensif. Les sociétés de sélection spécialisées dans ce type de production offrent par conséquent un choix varié de combinaisons de croisements pour pouvoir moduler la vitesse de croissance. Comme les poulets extensifs «plein air» sont plus âgés à l'abattage, leur chair est plus ferme, moins grasse, de couleur plus foncée et un goût plus élevé ; ce qui justifie la préférence des consommateurs des poulets labels. Mais les contraintes de production du poulet label (coût de production très élevé comparé à celui du poulet standard) constituent des facteurs limitant pour son exploitation dans les pays en développement (Fotsa, 2008).

Chapitre V

Aperçu sur les résultats des études de caractérisation des poules locales en Afrique et en Algérie

Du fait de la poussée démographique que connaît l'Afrique, les productions animales demeurent insuffisantes pour satisfaire les besoins des populations en protéines animales. Pour pallier à ces déficits, des efforts ont été déployés par la plupart des états en faveur du développement du secteur avicole (FAO, 2007b). Toutefois, malgré l'essor remarquable de la production avicole dans certains pays d'Afrique, la consommation de produits d'origine aviaire est encore fortement tributaire des importations dans la plupart de ces pays. En effet, les importations de viande de poulet représentent en tonnage plus de la moitié des importations totales de viande et augmentent chaque année (Ayssiwede *et al.*, 2013). Le marché régional de l'Afrique est donc encore loin d'être auto-suffisant.

Cependant, l'aviculture dite traditionnelle ou familiale reste la plus répandue en Afrique. Ce système traditionnel exploite les races locales sous un mode extensif, pratiqué essentiellement dans de petites fermes ou ménages ruraux, dans beaucoup de ménages périurbains et dans quelques ménages urbains. L'aviculture familiale est majoritairement représentée par les poules locales qui constituent approximativement 90% de la production avicole totale en Afrique (Fotsa, 2008).

Les poules locales sont présentes à travers tout le continent africain, dans les différentes zones agro-écologiques, allant des villages dans les forêts tropicales humides et subhumides de l'Ouest et du centre de l'Afrique aux hautes terres tempérées de l'Est de l'Afrique et aux régions arides et semi-arides des déserts du Sahel (Mwacharo *et al.*, 2013). L'effectif de la poule domestique a été estimé en Afrique à 1,6 milliard à la fin de l'année 2010 (FAOSTAT, 2012).

La caractérisation des poules locales a fait l'objet de plusieurs études dans différents pays africains. Dans ce chapitre, nous passons en revue les travaux de caractérisation morphologique, zootechnique et moléculaire de la poule locale en Afrique puis en Algérie, en commençant par citer les caractéristiques du système d'élevage dans lequel elle est exploitée.

1. Systèmes d'élevage des poules locales en Afrique

La poule locale est élevée dans un système traditionnel pratiqué un peu partout, mais surtout en milieu rural (Missohou *et al.*, 1998). Ce système est sans intrant, et doit se satisfaire des ressources alimentaires disponibles dans le milieu environnant. Il regroupe des exploitations familiales dispersées en petites unités de production comportant en moyenne 5 à 20 poulets par concession, voire une cinquantaine de têtes avec une forte proportion de jeunes poulets (Missohou *et al.*, 1998; Halima, 2007).

Les poules sont élevées en liberté permanente dans la journée puis le cas échéant enfermées le soir dans un poulailler très sommaire, souvent de mauvaise qualité, construit sans aucune norme : exigü, mal aéré, rarement nettoyé et entretenu, et généralement en matériaux locaux : bois, briques en terre ou de récupération, vieilles tôles et tiges (Dessie et Ogle, 2001; Fotsa *et al.*, 2007; Halima, 2007). Les poules passent souvent la nuit en plein ciel cachées sous les greniers ou perchées sur les arbres de la concession (Agbédé *et al.*, 1995; Fotsa *et al.*, 2007). Aucune mangeoire, ni abreuvoir ne sont prévus, mais un récipient de fortune sert souvent d'abreuvoir lorsque les oiseaux sont élevés en semi-captivité. Les quelques rares apports de compléments alimentaires aux oiseaux sont souvent directement servis au sol (Agbédé *et al.*, 1995; Halima, 2007). Selon Fotsa *et al.* (2007), au Cameroun la non utilisation de ces équipements d'élevage par les aviculteurs villageois, qui pour la plupart n'ont aucune formation, est principalement due à l'ignorance et à la négligence (91,7 %) suivies d'un manque de moyens financiers (8,3 %).

L'habitude alimentaire en divagation est surtout énergétique, captée autour des cases d'habitation et composée essentiellement de résidus de récolte, et complétée avec des protéines animales telles que les vers de terre, les insectes et autres cadavres. Des graines et autres déchets de cuisine sont sporadiquement distribués avec ou sans eau (Halima, 2007).

Sur le plan sanitaire, la couverture prophylactique et thérapeutique est quasi inexistante avec, comme conséquence, la persistance de pathologies infectieuses telles que les maladies de Newcastle, de Gumboro, de Marek, la bronchite infectieuse, le choléra, la variole aviaire, et de maladies parasitaires comme les coccidioses, les helminthiases et les ectoparasites (Dessie et Ogle, 2001; Fotsa *et al.*, 2007; Halima, 2007). Ekue *et al.* (2002) ont montré que la prévalence des maladies aviaires (virale, bactérienne et parasitaire) était plus importante en saison des

pluies qu'en saison sèche, mais à des degrés différents selon les âges, les plus sensibles étant respectivement les poussins, les poulets et les adultes.

N'étant pas habituellement assistés par les vétérinaires, les éleveurs sont obligés tant bien que mal d'utiliser les médicaments à usage humain, des antibiotiques en particulier (Ampicilline, Tifomycine) pour soigner les oiseaux affectés mais cela n'a pas un grand succès (Fotsa, 2008). La prophylaxie se résume à l'administration de quelques préparations issues de la pharmacopée traditionnelle : des racines, des écorces d'arbres, des graines, des fruits divers et des feuilles qu'ils donnent aux oiseaux malades. Selon Agbédé *et al.* (1995), des plantes telles que *Kalanchose crenata* sont utilisées contre la coccidiose, les feuilles de papaye *Carica papaya* contre la diarrhée ainsi que le piment *Piper guineense* contre la toux. Ces plantes semblent donner de bons résultats. Certains travaux dans ce domaine sont dignes de confiance et méritent d'être encouragés notamment dans la prévention et le traitement de la coccidiose et celui des parasites (Fotsa, 2008).

La poule locale présente une forme de résistance à certaines maladies. Tel est le cas de la poule Fayoumi d'Egypte qui est résistante à divers agents pathogènes : virus du sarcome de Rous ou coccidiose (E-Tenella) par comparaison avec une lignée Rhode Island. Par ailleurs, les poules adultes ont une prémunition contre la coccidiose par rapport aux poussins (Hossaryl et Galal, 1994; Pinard *et al.*, 1998).

Agbede *et al.* (1992) ont montré les risques que comportait la négligence sanitaire des petits élevages de poulets. En effet, ces épidémies affectent très négativement la structure du troupeau villageois et réduisent considérablement les revenus du fermier. En général, on enregistre, durant le stade de 0-3 mois d'âge, un fort taux de mortalité des poussins (50-66 %), ce qui contribue à réduire la productivité déjà faible du poulet villageois. Cette forte mortalité des poulets n'incombe pas seulement aux maladies, mais aussi à d'autres facteurs tels que les prédateurs, les saisons, l'absence d'abreuvoirs, le déficit d'aliments en lien avec le mode d'élevage (Dessie et Ogle, 2001; Fotsa *et al.*, 2007; Halima, 2007). En effet, la divagation pratiquée dans ce système expose grandement les oiseaux qui, du fait des longs déplacements, sont souvent des victimes de prédateurs. Par ailleurs, lorsque les débris alimentaires, la verdure, les insectes et les vers de terre viennent à manquer et que les points d'eau se raréfient dans le milieu, les sujets s'affaiblissent, deviennent vulnérables et sont ravagés par les maladies infectieuses, ne laissant souvent que quelques survivants pour la reconstitution du cheptel en fin de saison (Agbédé *et al.*, 1995; Bisimwa, 2003).

2. Caractéristiques phénotypiques et performances zootechniques

2.1. Caractéristiques morphologiques

Les phénotypes des poulets observés dans différents pays africains se caractérisent par leur grande diversité. Ils offrent une variété de couleurs dont les croisements incontrôlés entremêlent les différentes teintes de plumage. Les plumes de ces volailles sont soit unicolores, soit multicolores, réalisant des schémas très irréguliers ou pouvant aussi former des dessins parfaitement réguliers (plumage barré). La diversification des volailles porte également sur plusieurs autres caractères tels que la taille (normale ou naine), la nature de la crête (simple, double, rosacée, en pois et en noix) et la structure du plumage (lisse et frisé).

Dans certaines régions, le phénotype de la poule locale constitue un critère important pour le choix du consommateur sur le marché local, par exemple, les souches *Dzaye* et *Dongwe*, respectivement au plumage blanc et noir de la tribu Mandara du Nord Cameroun, dominant le marché local à des prix très élevés. Ces souches sont très sollicitées pour la pharmacopée traditionnelle et des pratiques magiques (Fotsa, 2008).

La caractérisation morphologique s'est aussi basée sur la coloration des yeux et sur les types de crêtes en rapport avec le type de production donnée. Ainsi, la poule *Kondé au* Burkina Faso se fait distinguer par le coloris varié du plumage, le type de crête et la couleur des yeux (Berte, 1987). En Tunisie, la population locale du poulet garde une variabilité génétique qui lui permet de sauvegarder une réserve de gènes différents (coloration, forme, rusticité et autres) d'une valeur très précieuse (Bessadok *et al.*, 2003).

La relation entre certains phénotypes et les performances de production a été largement étudiée chez la poule locale en Afrique. Ikeobi *et al.* (2001) ont montré que les oiseaux aux pattes emplumées (gène *PTI*) ont une bonne aptitude à la production de la viande alors que leurs homologues aux pattes non emplumées ont une bonne ponte ovulaire et une excellente aptitude à l'éclosion. Par ailleurs, les crêtes simples et larges jouent non seulement un rôle thermorégulateur mais elles favorisent aussi le développement d'un meilleur poids corporel et la ponte d'œufs plus gros. Ces caractères sont les plus importants sous les conditions d'adaptation dans lesquelles évoluent les poules locales. Ainsi, il pourrait être convenu que les divers gènes répertoriés chez les poules locales pourraient être utilisés pour améliorer les caractères de production (Fotsa, 2008).

2.2. Performances de reproduction

Du fait des conditions d'élevage difficiles, les poules locales africaines ont une productivité plus faible que celle des races commerciales. Les performances de reproduction obtenues chez les poules traditionnelles en Afrique sont variables suivant les conditions d'élevage, les saisons et/ou les régions d'élevage.

En milieu villageois, l'âge à la première ponte est compris entre 20 et 32 semaines (Kitalyi et Mayer, 1998 ; Tadelle et Ogle, 2001 ; Missohou et al., 2002 ; Halima, 2007). Par rapport aux poules commerciales qui entrent en ponte autour de 19-23 semaines d'âge, les poules locales sont tardives (Ayssiwede *et al.*, 2013).

Le taux de ponte est faible et le nombre moyen d'œufs pondus est de 42 œufs/poule/ an, avec un poids moyen d'environ 39 g/œuf (Kitalyi et Mayer, 1998 ; Tadelle et Ogle, 2001 ; Missohou et al., 2002 ; Halima, 2007). D'après Halima (2007) et Fotsa (2008), la production annuelle d'œufs en milieu villageois est presque la moitié de celle obtenue dans les élevages de poules locales suivis en station (92 œufs/poule). Encore, le taux d'éclosion des poussins estimé en milieu villageois (79 %) est relativement plus élevé que celui obtenu en station (76%). Ces résultats témoignent de l'impact positif de l'amélioration des conditions d'élevage, notamment l'alimentation, sur la productivité des poules locales.

3. Caractérisation moléculaire chez la poule domestique en Afrique

Plusieurs études de génétiques moléculaires ont été réalisées sur les populations de poules locales dans différents pays africains. Ces études génétiques peuvent être regroupées dans deux ensembles distincts selon les marqueurs génétiques utilisés : marqueurs microsatellites et marqueurs d'ADN mitochondrial (séquences D-loop).

La diversité génétique et les relations génétiques entre les populations de poules locales, provenant de plusieurs pays africains, ont été surtout étudiées en utilisant des marqueurs microsatellites autosomiques (Tableau III). Parmi les populations caractérisées, nous citons celles de Tanzanie, Nigeria et Cameroun (Wimmers *et al.*, 2000) ; Kenya, Soudan, Ethiopie, et Ouganda (Mwacharo *et al.*, 2007); Zimbabwe, Malawi et Soudan (Muchadeyi *et al.*, 2007) ; Ethiopie (Halima, 2007) ; Afrique du Sud (Mtileni *et al.*, 2011); Bénin (Youssoou *et al.*, 2010); Ghana (Osei-Amponsah *et al.*, 2010) ; Egypte (Eltanany *et al.*, 2011) ; Bénin, Côte d'Ivoire, Ghana, Maroc et Cameroun (Leroy *et al.*, 2012). Ces études utilisent les marqueurs

microsatellites, recommandés par l'ISAG (Société Internationale de Génétique Animale) et la FAO (FAO, 2011), mais aucun échantillon commun n'a été utilisé (témoin), ce qui limite l'analyse comparative à l'échelle continentale.

Tableau III : Quelques études sur les populations de poules locales en Afrique réalisées par les marqueurs microsatellites (Mwacharo *et al.*, 2013).

Etudes	Pays	Nombre de populations	Effectifs par population	Nombre de microsatellites
Wimmers <i>et al.</i> (2000)	Tanzanie	7	20	22
	Nigeria	7	4 à 15	22
	Cameroun	1	18	22
Mwacharo <i>et al.</i> (2007)	Kenya	10	28 à 54	30
	Uganda	2	40	30
	Ethiopie	2	40 et 42	30
	Soudan	1	37	30
Muchadeyi <i>et al.</i> (2007)	Zimbabwe	5	37 à 51	29
	Malawi	1	60	29
	Soudan	1	48	29
Dessie (2007)	Ethiopie	5	25	10
Hassanet <i>et al.</i> (2009)	Ethiopie	7	14 à 23	7
Goraga <i>et al.</i> (2011)	Ethiopie	5	30 à 33	26
Dana (2011)	Ethiopie	5	49 à 52	20
Mtileni <i>et al.</i> (2010)	Afrique du Sud	2	30 et 42	29
Youssao <i>et al.</i> (2010)	Benin	2	60 et 61	22
Osei-Amponsah <i>et al.</i> (2010)	Ghana	2	55 et 59	22
Eltanany <i>et al.</i> (2011)	Egypt	1	27	29
Leroy <i>et al.</i> (2012)	Benin	7	8 à 38	22
	Côte d'Ivoire	5	17 à 41	22
	Ghana	6	6 à 27	22
	Maroc	1	45	22
	Cameroun	4	5 à 30	22

Peu d'études de génétique moléculaire sur les poules d'Afrique, utilisant ADNmt, ont été publiés (Muchadeyi *et al.*, 2008; Razafindraibe *et al.*, 2008; Makanjuolal *et al.*, 2010; Mtileni *et al.*, 2011; Mwacharo *et al.*, 2011) (Tableau IV). Ces études ont toutes analysé la région hypervariable de l'ADNmt (D-loop). Au total, cinq haplogroupes ont été identifiés. Mais malheureusement, ils n'ont pas une nomenclature normalisée, ce qui limite la comparaison de ces études entre elles. Les résultats de ces études ont été utilisés pour étudier l'origine des poules locales africaines. Les informations apportées supportent celles des évidences socio-culturelles, linguistiques, archéologiques et historiques qui suggèrent, toutes, une origine complexe de cette espèce en Afrique caractérisée par de multiples introductions maritimes et/ou terrestres, ainsi que plusieurs routes de dispersions vers l'Afrique. Ces études ont aussi mis en évidence une grande diversité du matériel génétique transmis par voie maternelle.

Tableau IV : Quelques études sur les populations de poules locales en Afrique réalisées par les marqueurs d'ADN mitochondrial (Mwacharo *et al.*, 2013).

Etudes	Pays	Nombre de populations	Effectifs par population	Fréquence des haplogroupes (%)				
				A	B	C	D	E
Razafindraibe <i>et al.</i> (2008)	Madagascar	2	77	84	-	-	16	-
Muchadeyi <i>et al.</i> (2008)	Zimbabwe	5	99	55	-	-	45	-
	Malawi	1	19	100				
	Soudan	1	20	-	-	-	100	-
Adebambo <i>et al.</i> (2010)	Nigeria	4	232	-	-	-	100	-
Mwacharo <i>et al.</i> (2011)	Kenya	12	211	45	<1	-	54	-
	Ethiopie	3	42	-	-	2 %	96	2
	Soudan	4	135	-	-	-	98	2
	Uganda	4	123	-	-	-	100	-
Mtileni <i>et al.</i> (2011)	Afrique du Sud	2	22	9	5	9	68	9

4. Etat des connaissances sur les ressources génétiques avicoles en Algérie

4.1. L'aviculture en Algérie

Au début des années 80, l'état a mis en œuvre un important programme de développement du secteur avicole, basé sur l'élevage intensif de souches exotiques. Ces dernières sont régulièrement importées puisqu'il n'y a pas d'exploitation de matériel génétique de base localement (Feliachi, 2003). Cette importation a augmenté le ratio en protéines animales de 7,8 g/jour en 1967 à 20 g/jour en 1990. Selon la FAO, l'Algérie importe annuellement 3 millions de poussins reproducteurs dont 15 % de poussins mâles. La conduite des souches se fait en intensif avec une taille moyenne de 3000 à 5000 sujets par atelier respectivement pour le poulet de chair et les poules pondeuses. La production des exploitations privées représente 92% de la capacité de production nationale. Les performances réalisées sont médiocres ; l'âge avancé à l'abattage (62 et 55,5 jours) ainsi que le taux de mortalité élevé entraîne des pertes économiques considérables, (Djerou, 2006). La consommation annuelle de l'Algérie en viande de volaille est estimée à 6 kilos par habitant par an, pour une production de 342000 tonnes (FAOSTAT, 2012).

Quant aux races locales, exclusivement exploitées dans les élevages traditionnels extensifs (Feliachi, 2003), elles sont mal connues et sont regroupées sous l'appellation commune de *DJAJE LAREB* (poule Arabe).

4.2. Caractéristique de la poule locale en Algérie

Jusqu'à très récemment, la poule locale en Algérie n'a fait l'objet ni de recensement ni de caractérisation génétique (Feliachi, 2003; Moula *et al.*, 2009). Ce n'est qu'à la fin de la dernière décennie que quelques chercheurs ont commencé à s'intéresser à cette espèce, cela vient très tardivement par rapport aux autres pays voisins africains.

Au Nord-Est d'Algérie, Moula *et al.* (2009) ont réalisé une analyse des traits phénotypiques et des performances zootechniques des poules dans quelques villages en Kabylie. Les résultats ont montré que la poule kabyle est caractérisée par une très grande diversité de couleurs de plumage ; mais selon Moula *et al.* (2009), certains traits caractéristiques des poules d'origine (coloration noire, dorée ou argentée) sont de moins en moins présents. Le niveau de productivité de ces poules est nettement plus bas que le standard industriel actuel : avec un poids moyen de 1,286 g pour les poules et 1,646 g pour les coqs et une moyenne de ponte de 163 œufs/an. Sur ce point, Moula affirme que la productivité n'est pas vraiment la première préoccupation des éleveurs qui sont beaucoup plus inquiets à l'idée d'avoir une poule fragile qu'à celle d'avoir une poule un peu moins productive que ce qu'elle pourrait être. Les éleveurs de cette région sont à la recherche d'une poule rustique (le fait que la race soit intéressante aussi pour des performances de ponte et de production de chair, est évidemment un critère important).

Au Nord-Ouest algérien, Halbouche *et al.* (2012) ont réalisé un inventaire des phénotypes avicoles locaux afin de déterminer leurs caractéristiques morphologiques ainsi que celles de leurs œufs. L'étude a été basée sur des enquêtes dans trois régions, à savoir Sidi Ali, Oued Rhiou et Mostaganem. 19 phénotypes ont été recensés selon la couleur du plumage, par exemple : "Hamra" pour le poulet à plumage de couleur rouge et "Mazlout" pour poulet cou nu. Par ailleurs, la production d'œufs a varié, selon les phénotypes de 60 à 170 œufs par an. Les œufs ont été plus riches en vitellus et moins pourvus en albumen, comparés aux œufs des poules sélectionnées, même si le poids total n'a pas été différent.

Toujours dans le Nord-Ouest algérien, dans l'étude préliminaire de caractérisation phénotypique et zootechnique des poules locales que nous avons réalisée dans trois élevages de

trois wilayas de cette région : Oran, Mostaganem et Tlemcen (Mahammi et Maldji, 2009) les poules ont été classées selon leurs couleurs de plumage en suivant la classification de la Fédération Française des Volailles (FFV). Huit phénotypes ont été déterminés : noir, caillouté, doré, fauve orné, fauve herminé, froment argenté, blanc herminé, et pile (blanc). La comparaison de quelques performances (poids corporel et ponte) de ces poules avec des poulets de la race commerciale « ISA », a donné le même constat trouvé par Moula *et al.* (2009) et Halbouche *et al.* (2012) : les poules locales ont une faible productivité par rapport aux souches commerciales. Dans cette même étude, l'étude du polymorphisme du microsatellite MCW0041 chez les poules locales a été réalisée comme une première initiation à la caractérisation moléculaire de la poule locale algérienne, en utilisant la méthode de génotypage par électrophorèse sur gel de polyacrylamide suivie par coloration au nitrate d'argent, au total 3 allèles ont été détectés (Mahammi et Maldji, 2009).

Sur le plan pathologique, récemment, la poule locale a aussi attiré l'attention des parasitologues. Des études réalisées au niveau du laboratoire de parasitologie de l'université d'Oran, sur des poules locales élevées dans des fermes dans la région d'Oran, ont permis de caractériser la faune parasitaire du tube digestif (Yousif, 2012) ainsi que les Ectoparasites et les Hémoparasites (Djelil, 2012) de ces poules locales. Les résultats ont montré que tous les poulets étaient infectés. Selon les auteurs, la persistance de ces parasites du poulet est liée au mode d'élevage pratiqué dans la région d'étude. Les auteurs estiment qu'il est nécessaire de mettre en œuvre des mesures de lutte associant des traitements antiparasitaires des oiseaux, l'amélioration de l'hygiène de l'habitat et l'amélioration de la qualité des aliments.

Enfin, notre présente étude apportera une contribution indispensable pour une meilleure compréhension de la diversité génétique avicole des populations de poules locales (*Gallus gallus*) en Algérie, puisqu'elle s'étend sur un territoire beaucoup plus grand et qu'elle regroupe différentes approches visant à caractériser la poule locale sur le plan phénotypique et moléculaire en utilisant un nombre beaucoup plus important de marqueurs microsatellites, tout en s'intéressant à étudier, en premier lieu, les caractéristiques du système d'élevage de ces poules locales. Ces étapes ont été établies selon les recommandations de la FAO (2012).

Partie 1.

**Caractérisation des systèmes
d'élevage et des populations de
poules locales de l'Ouest algérien**

I. Introduction

Dans les pays en voie de développement, les poules locales sont souvent classées en fonction de leur phénotype et/ou de leur localisation géographique. Elles sont élevées dans des systèmes semi ou totalement divagants exprimant ainsi un faible niveau de performances (Akouango *et al.*, 2004). En revanche, leur rusticité leur confère un avantage exceptionnel leur permettant de résister aux conditions d'élevage et de climat difficiles (Fotsa, 2008). Horst (1989) a considéré les populations de poules locales en tant que réservoirs de gènes, en particulier pour ceux qui ont des valeurs d'adaptation, tels que le gène NA pour le phénotype cou nu. De plus, les produits avicoles en provenance des élevages traditionnels représentent toujours une source de viande bien appréciée, économique et facilement disponible pour la population rurale (Benabdeljelil et Arfaoui, 2001). Cependant, malgré son rôle important, le poulet local se trouve encore négligé par les programmes de conservation et d'amélioration.

En Algérie, les poules locales sont communément appelés poules villageoises ou *DJAJE LAREB*, sans aucune information sur la structuration de leur population. Dans la présente étude, nous avons choisi d'utiliser le terme «écotype» pour décrire les poules provenant de différentes zones agro-écologiques, ce terme a été aussi adopté dans quelques études sur la poule locale en Afrique comme la Tanzanie et l'Ethiopie (Dessie *et al.*, 2003; Msoffe *et al.*, 2005).

Dans cette partie de la thèse nous allons donner, d'une part, un aperçu sur les caractères phénotypiques de la population de poules locales de l'Ouest Algérien et le système d'élevage dans lequel elle est élevée et d'autre part, une idée sur la structuration de cette population en vérifiant entre autre le degré de divergence ou de ressemblance entre les trois écotypes : LT (littoral), PI (plaines intérieures) et HP (hauts plateaux), attribués aux trois zones agro-écologiques de la région étudiée.

II. Matériel et méthodes

1. Présentation de la zone d'étude

L'Algérie, le plus grand pays d'Afrique, est caractérisée par une importante diversité géographique, les deux chaînes montagneuses, l'Atlas Tellien au Nord et l'Atlas Saharien au Sud, séparent le pays en trois types de milieux : le système tellien, les hauts plateaux et le Sahara. Ces derniers se distinguent par leur relief et leur morphologie, donnant lieu à une vaste diversité biologique.

Notre étude a eu lieu dans la partie occidentale du Nord algérien, région qui comprend deux systèmes, le Tell et les hauts plateaux. Le Système Tellien est un ensemble constitué par une succession de massifs montagneux, côtiers et sublittoraux, et de plaines, riches par leur flore et leur faune. Les hauts plateaux (ou les Steppes) sont localisés entre l'Atlas Tellien au Nord et l'Atlas Saharien au Sud, à des altitudes plus ou moins importantes de 900 à 1200 mètres (m), constituant un tampon entre les régions côtières et les régions sahariennes dont elles limitent les influences climatiques négatives sur les premières (Nedjraoui et Bédrani, 2008). Dans l'ensemble, la région étudiée est caractérisée par un climat méditerranéen avec un hiver relativement froid et pluvieux et un été chaud et sec. La zone littorale est caractérisée par un climat doux et une humidité relativement élevée. Dans le sud de la région étudiée, le climat est semi-aride. La pluviométrie annuelle moyenne est de 500 millimètre (mm) et la température moyenne est de 35 °C.

Sur le plan administratif, la région d'étude est constituée par dix wilayas réparties à travers trois zones agro-écologiques comme suite (Figure 10) :

- **La zone du littoral (LT)** : constituée par les wilayas de Tlemcen, Oran, Aïn-Temouchent et Mostaganem ;
- **La zone des plaines intérieures (PI)** : constituée par les wilayas de Sidi Bel-Abbes, Relizane et Mascara ;
- **La zone des hauts plateaux (HP)** : constituée par les wilayas de Saida, Tiaret et Naâma.

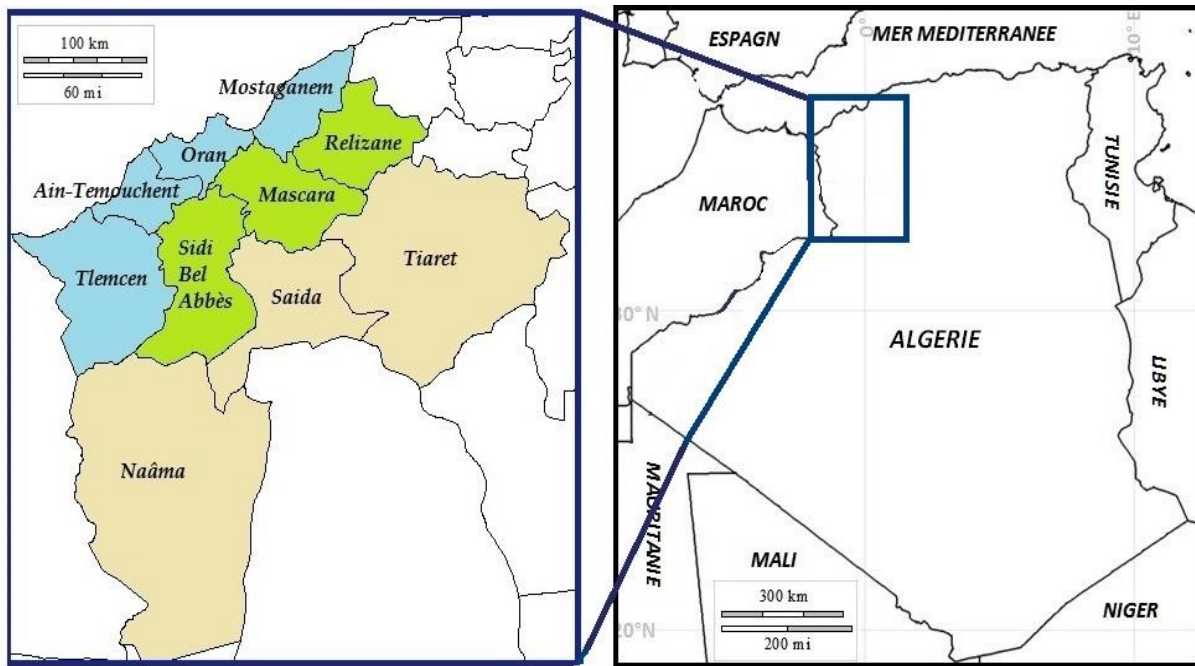


Figure 10 : Présentation de la zone d'étude.

Littoral "LT" (en bleu) : Tlemcen, Ain-Temouchent, Oran and Mostaganem

Plaines intérieures "PI" (en vert) : Sibi Bel Abbès, Mascara and Relizane

Hauts plateaux "HP" (en beige) : Naâma, Saida and Tiaret.

2. Enquêtes sur le terrain et échantillonnage

2.1. Planification de l'enquête

Avant le déplacement sur le terrain, l'étude bibliographique concernant la caractérisation de la poule locale dans les différents pays africains a permis d'établir un premier questionnaire.

Par la suite une pré-enquête chez cinq éleveurs dans la région de Maghnia (wilaya de Tlemcen) et la région de Misserghine (wilaya d'Oran) a été réalisée afin de vérifier la faisabilité du questionnaire préparé et de le finaliser. Le questionnaire final (Annexe 5) était du type semi-dirigé et il a porté essentiellement sur l'état socio-économique de l'éleveur, l'historique et la conduite des élevages, la productivité et la destination des volailles locales.

En tenant compte de la manière avec laquelle les élevages de poules locales sont établis (aucune information préalable sur les sites d'élevage, les effectifs, etc.) et l'absence de

financement et de collaboration avec d'autres secteurs (institutions ou associations chargées par ce type de recherche tels que la DSA (Direction de la santé animale), l'INRAA (Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie), l'ITelv (Institut Technique d'Elevage), etc.), nous avons fixé la procédure suivante :

- réaliser une étude de caractérisation primaire avec des enquêtes auprès des éleveurs ;
- réaliser des contacts directs avec les éleveurs ;
- réaliser un échantillonnage aléatoire simple.

Ainsi, deux critères ont été pris en considération pour le choix des éleveurs :

- l'importance des effectifs de poules locales adultes par élevage et
- l'éloignement suffisant entre fermiers dans un village pour éviter des échanges d'animaux possibles.

2.2. Conduite de l'enquête et de l'échantillonnage

Sur la base des critères prédéfinis, l'enquête a été menée dans les dix wilayas de l'Ouest algérien. Dans chaque wilaya, trois à quatre villages éloignés ont été visités pour réaliser un échantillonnage représentatif de la population dans la région en question. Deux à trois familles par village ont été choisies pour participer à cette étude. Le premier contact avec une famille a toujours impliqué le père sinon la mère en cas de son absence. Lors de ce premier contact, une parole introductive me présentant ainsi que les objectifs de l'enquête ont été exposés. Une fois d'accord, l'éleveur a été interrogé avec le questionnaire déjà préparé en français après traduction directe en dialecte local.

Chez chaque éleveur, cinq à dix poules adultes ont fait l'objet d'une description phénotypique (les caractéristiques du plumage, de la crête, des tarsi, de la peau, des barbillons, des oreillons, des yeux et du bec) et des mensurations (le poids corporel de l'oiseau, la hauteur de la crête, la longueur et le diamètre des tarsi et la longueur des barbillons) (Figure 11) qui ont été réalisées à l'aide d'une balance digitale précise au gramme et d'un mètre ruban. Chaque oiseau a été photographié afin de réaliser la description précise du phénotype et d'enregistrer des informations sur les environnements d'origine. Un exemple de fiche descriptive des oiseaux est représenté dans l'annexe 6.

Un prélèvement sanguin de 1 à 2 millilitres (ml) a été réalisé, à partir de chaque animal photographié (animaux non apparentés) au niveau de la veine alaire, avec des seringues à usage unique de 2,5 ml et sur des tubes contenant l'anticoagulant EDTA « *Ethylène Diamine Tétracétique* » à 5 %. Les échantillons prélevés ont été conservés à -20 °C.

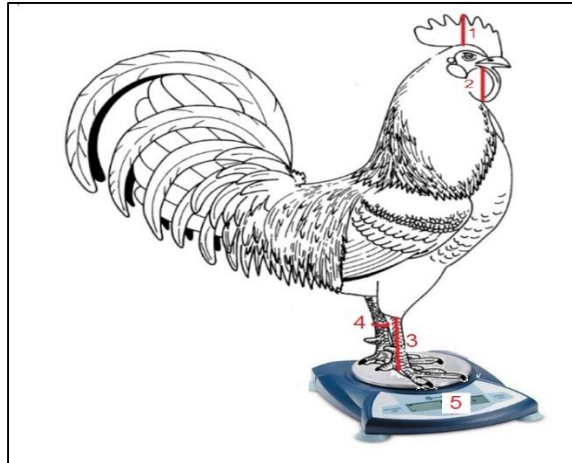


Figure 11 : Mensurations morphométriques effectuées sur les oiseaux échantillonnés.

1 : hauteur de la crête ; 2 : longueur du barbillon ; 3 : longueur du tarse ; 4 : diamètre du tarse ;
5 : poids corporel.

3. Analyses statistiques

Les analyses statistiques ont été réalisées afin, d'une part, d'étudier la diversité génétique de la population de poule locale de l'Ouest algérien à travers les profils phénotypiques visibles et mesurables, et d'autre part, de vérifier la ressemblance ou la divergence des trois écotypes LT, PI et HP. Ces analyses ont été effectuées par le logiciel R (version 2.14.2) en deux étapes : analyse descriptive et analyse exploratoire.

3.1. Analyse descriptive

L'analyse descriptive a été réalisée pour estimer, pour chaque écotype ainsi que pour la population totale, les fréquences des caractères qualitatifs et la moyenne, et l'écart type des caractères quantitatifs. L'effet du sexe et de la zone géographique ont été testés par l'analyse de variance (ANOVA pour "analysis of variance") pour les variables quantitatives et par le test exact de Fisher pour les variables qualitatives. La corrélation entre les différentes mensurations corporelles a été testée par le coefficient de corrélation de Pearson.

3.2. Analyse exploratoire

Les méthodes d'analyse multivariée permettent une analyse exploratoire sans hypothèse à priori. La méthode de Hill et Smith (1976) a été utilisée pour combiner, dans une même analyse, les deux approches suivantes : analyse en composantes principales (ACP) pour les variables continues et analyse de correspondances multiples (ACM) pour les variables qualitatives (Figure 12).

Les variables qualitatives et continues (qui correspondent respectivement aux caractères morphologiques et aux mensurations corporelles des poules locales échantillonnées) ainsi que les facteurs choisis pour être expliqués (la zone agro-écologique et le sexe) sont projetées dans un espace bidimensionnel (à 2 axes). Une telle projection produit une interprétation visuelle de la proximité entre les variables et les facteurs à expliquer. Par la suite, la répartition de tous les individus sur les composantes (ou les axes) retenues par cette analyse, va permettre de tester la différence entre les trois écotypes LT, PI et HP et les deux sexes (mâle et femelle) selon les caractères morpho-biométriques étudiés.

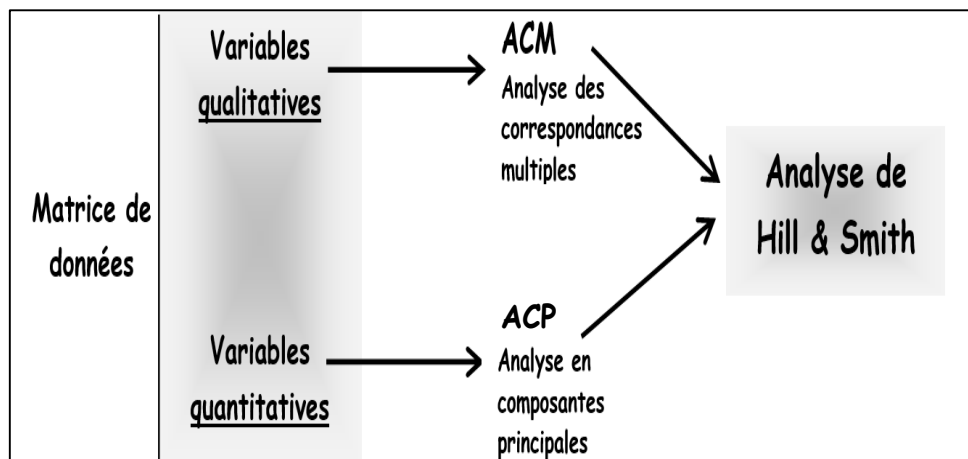


Figure 12 : Principe de l'analyse de Hill & Smith.

III. Résultats et discussion

L'étude sur le terrain a duré un an et demi (de mars 2010 jusqu'en septembre 2011). Au total, 364 oiseaux (dont 73 mâles et 291 femelles) ont été échantillonnés chez un total de 51 éleveurs visités dans 31 villages répartis dans dix wilayas au niveau des trois zones agro-écologiques de l'Ouest algérien. Le nombre d'oiseaux échantillonnés dans chaque village, chaque wilaya et chaque zone agro-écologique est présenté dans le tableau V.

Il faut signaler que l'étude du système d'élevage et la caractérisation morpho-biométrique n'a pas concerné la wilaya de Naâma. Les 30 oiseaux (10 mâles et 20 femelles) échantillons dans cette wilaya n'ont été inclus que dans la deuxième partie de la thèse qui a concerné la caractérisation moléculaire. L'effectif total des oiseaux échantillonnés dans les neuf wilayas restants est 334 (dont 63 mâles et 271 femelles).

Par rapport aux autres études sur le terrain réalisées dans le but de caractériser les poules locales en Algérie, la présente s'étend sur un territoire plus vaste et elle a exploré plusieurs contextes de l'élevage traditionnel de la poule locale à savoir la situation socio-économique de l'éleveur, la productivité et la destination des produits d'élevage ainsi que la description morpho-biométrique des poules (couleurs et formes de plumage et description de certaines parties du corps des oiseaux). Elle a permis aussi de réaliser des prélèvements sanguins qui ont été utilisés pour la caractérisation moléculaire de ces poules. Ainsi, l'enquête sur le terrain et l'échantillonnage ont été réalisés conformément aux recommandations de la FAO.

Tableau V : Nombre de poules locales échantillonnées dans chaque village et chaque zone agro-écologique.

Zone	Wilaya	Village	N° échantillonnés
Littoral (LT)	Ain-Temouchent	Ain El kihal	7
		Chaabet El Leham	5
		Hassi El Ghellat	9
		El Malah	11
	Mostaganem	Boughirate	16
		Ouled El Bachir	27
		Sidi Lakhder	17
		Sirate	10
	Oran	El Mehgone	8
		Es-Senia	9
		Missreghin	17
		Oued Telilat	18
	Tlemcen	Ghazaouete	9
		Maghniya	31
/	/	194	
Plaines intérieures (PI)	Mascara	El Gaada	15
		El Souahlia	10
		Oued Al Abtal	6
	Relizane	Zemmora	7
		Sidi Khatab	9
		Oued Rhiou	4
	Sidi Bel Abbass	Ain El Bard	9
		Lamtar	18
		Tabia	8
	/	/	86
Hauts Plateaux (HP)	Tiaret	Ain El Hadid	9
		Mahdia	5
		Chehaima	5
		Guertoufa	6
	Saida	Youb	11
		Ain El Hadjar	19
	Naâma*	Kasdir	16
		Mben	14
/	/	85	
3	10	31	365

* : Les 30 poules échantillonnées dans la wilaya de Naâma ont été incluses seulement dans la deuxième partie de la thèse pour la caractérisation moléculaire.

1. Caractéristiques des élevages

1.1. Etat socio-économique de l'éleveur

La figure 13 représente quelques caractéristiques socio-économiques des éleveurs enregistrées durant l'enquête sur le terrain. Les personnes interviewées sont supposées être les principaux responsables des élevages. L'âge des éleveurs varie entre 14 et 76 ans avec une moyenne de 45 ans. En ce qui concerne le niveau d'éducation, sept éleveurs (14,58 %) sont analphabètes et sont généralement des vieilles femmes dépassant les 65 ans, 28 (58,33 %) ont reçu une éducation primaire, 10 (20,83 %) ont fait des études secondaires, et trois (6,25 %) ont un niveau universitaire. 72,92 % des éleveurs étaient des femmes (35 femmes vs 13 hommes). Parmi les éleveurs femmes, deux travaillent dans le domaine de l'éducation, les autres sont des femmes au foyer. Concernant les hommes, quatre éleveurs étaient des retraités, sept avaient des activités agronomiques et deux éleveurs (14 et 15 ans) suivent encore leurs études secondaires.

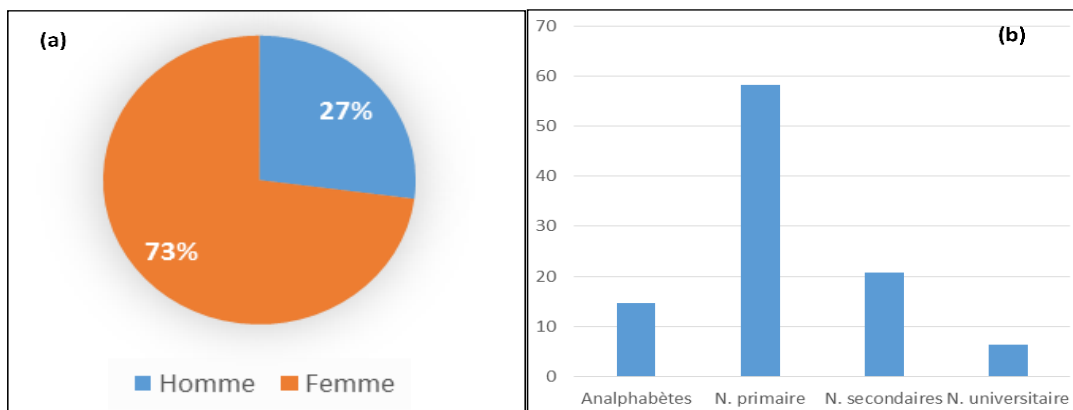


Figure 13 : Caractéristiques socio-économiques des éleveurs : (a) sexe et (b) niveau d'éducation.

Nous constatons donc que les femmes au foyer sont majoritaires concernant l'élevage de poules locales. Ce même constat a été remarqué dans la plupart des pays africains (Akouango *et al.*, 2004; Fotsa, 2008). Gueye (1998) a révélé qu'environ 80% des élevages de poulets dans un certain nombre de pays africains ont été largement contrôlés par les femmes.

Ces femmes trouvent dans le revenu de vente des poules et des œufs, malgré sa modestie, un moyen pour assurer certains achats tels que les vêtements et les affaires scolaires de leurs enfants. Ces derniers interviennent dans ce type d'élevage : ils aident leurs mères dans

la distribution de la nourriture et dans le ramassage des œufs et parfois leur vente. Les hommes interviennent, le plus souvent, dans l'achat et la vente des oiseaux dans les marchés. Cette intervention est due à des considérations socio-culturelles qui donnent aux hommes ce droit de responsable et de gestionnaire de la famille au détriment des femmes (Fotsa, 2008; Moula *et al.*, 2012). En plus, les hommes sont plus occupés par l'élevage des ruminants (les ovins principalement) qu'ils considèrent prioritaire par rapport à l'élevage des poules.

1.2. Historique et conduite des troupeaux

Les enquêtes ont révélé que les élevages sont de constitution récente, avec une création remontant en moyenne à 3 ans et demi, et au maximum à 10 ans. 46,15 % des éleveurs déclarent que leur élevage est en augmentation, alors que 38,46 % des élevages sont considérés comme étant stables et 13,46 % étaient en déclin. La quasi-totalité des élevages sont conduits en mode ouvert, avec des achats d'oiseaux adultes. Seuls deux élevages (3,84 %) étaient en mode de reproduction interne (fermé). Le choix des reproducteurs est fait sans critère déclaré. Les oiseaux présents dans plus de la moitié des élevages ont au moins un parent connu. Le nombre moyen de poules présents par élevage est de 31 avec une variation de 7 à 80 (y compris les poussins). Ces effectifs sont plutôt élevés par rapport à ce qui est rapporté par Gueye (2002), qui a déclaré que la taille des troupeaux dans les villages africains varie généralement entre 5 et 20 oiseaux par élevage.

1.2.1. Habitat

Concernant l'habitat, 18,75 % des élevages étaient en liberté total, 4,16 % des élevages étaient totalement abrités (jours et nuits) et 77,08 % étaient en semi-liberté (abrités que la nuit). Les abris fournis sont construits de matériaux locaux : bois, plastique, tôle de zinc, grillage et roseaux (Figure 14). Les poules mères et leurs poussins sont séparés du reste du troupeau pendant la couvaison et quelques semaines après l'éclosion. Pour ces derniers, l'abri est généralement constitué de bidons en fer, des pneus ou des boîtes en plastiques (Figure 15).

Le nombre des éleveurs fournissant un abri à leur poules est largement élevé par rapport à ce qui est rapporté pour certains pays africains, par exemple, au Botswana et en Ethiopie, seulement 36% et 39%, respectivement, des éleveurs fournissent un habitat à leurs poules (Badubi *et al.*, 2006; Halima, 2007).



Figure 14 : Exemples d'abris fournis aux volailles locales.



Figure 15 : Exemple d'abris fournis aux poules mères et leurs poussins.

1.2.2. Nourriture

Les poules se nourrissent de ce qu'elles trouvent dans leur milieu (graines, insectes, vers, sable, cailloux et quelques céréales) en plus de ce que les éleveurs leur fournissent une à deux fois par jour. Généralement, les éleveurs distribuent les restes de cuisine (pain, vermicelle, riz, couscous...). Dans 39,58 % des élevages, un mélange constitué essentiellement de déchets de maïs et de grains d'orge est distribué aux poules. Par contre, ce supplément est plus important au Zimbabwe où il est assuré par 96,8 % des éleveurs (Mapiye *et al.*, 2008).

1.2.3. Performances de production en milieu naturel

Les performances de production de la poule locale ont été déclarées par les éleveurs. La poule entre en ponte à un âge moyen de 6 mois. Cet âge de la première ponte est supérieur à

celui observé en Ethiopie (5 mois) (Akouango *et al.*, 2010), mais il est inférieur à celui observé au Soudan (8 mois) (Yousif et Eltayeb, 2011).

La poule locale dans les régions enquêtées couve, de 2 à 6 fois par an, un nombre de 6 à 16 œufs par couvaision avec un nombre moyen de 78 œufs/an. Cette moyenne de production annuelle d'œufs est proche de celle observée au Maroc (Benabdeljelil et Arfaoui, 2001). Cependant, elle se situe aux alentours de la moitié de la moyenne observée chez la poule locale en Egypte (Zaza, 1992) et la poule locale en Tunisie (Bessadok *et al.*, 2003). La production annuelle d'œuf rapportée dans la littérature pour les poules locales varie entre 25 et 150 œufs/an (Fotsa *et al.*, 2010).

Parmi les causes de perte des volailles telles que déclarées par les éleveurs, la prédation, généralement causée par les chats et les chiens domestiques, se classe en premier lieu avec un pourcentage de 58 %, suivie par les pathologies avec 33,8 % ensuite les vols avec 8,2 %.

Les pathologies les plus observées par les éleveurs sont celles liées aux puces, poux et d'autres parasites externes. Dans des études réalisées sur des poulets locaux élevés dans la wilaya d'Oran (qui fait partie de notre zone d'étude), Yousif (2012) a mis en évidence une faune parasitaire diversifiée et composée de cestodes, de nématodes, de trématodes et d'acanthocéphales. Aussi, Djelil (2012) a pu identifier, chez ces poulets, huit espèces de mallophages, sept espèces d'acariens et trois genres d'hémoparasites. Ces auteurs ont affirmé que tous les poulets examinés étaient infestés.

La faible productivité de la poule locale pourrait être expliquée par les conditions dans lesquelles elle est élevée. En général, les performances trouvées dans cette étude se situent dans la gamme de celles rapportées pour la poule locale dans le Nord-Est de l'Algérie (Moula *et al.*, 2009) et celles des pays voisins et des pays africains (Bessadok *et al.*, 2003; Benabdeljelil et Bordas, 2005; Fotsa, 2008; Akouango *et al.*, 2010). Selon ces auteurs, ces faibles performances pourraient être améliorées par l'amélioration des conditions d'élevage et par la mise en place des plans de gestion et de sélection génétique.

1.2.4. Destination des produits d'élevage

Le but de l'élevage traditionnel des poules dans les régions enquêtées est dans 17,30 % des cas pour l'autoconsommation seule, dans 30,76 % pour l'autoconsommation et vente des œufs et dans 51,92 % des cas pour l'autoconsommation et vente des œufs et de sujets vivants.

Les prix moyens pratiqués sont de 820 dinars algérien (DA) (7,32 €) pour le mâle adulte et 650 DA (5,81 €) pour la femelle. Le prix moyen de vente de l'œuf est de 20 DA (0,17 €).

Le revenu modeste de la production avicole locale aide l'éleveur à assurer certains achats. Cependant, le poulet local lui rend des services beaucoup plus importants que les revenus budgétaires qu'il peut en tirer. Il est utilisé pour les sacrifices, pendant les fêtes religieuses, telles que la fête d'Achoura, où la majorité des familles sacrifient des poulets locaux par préférence. Il est aussi utilisé comme cadeaux, les femmes rurales offrent des œufs à leurs visiteurs, à leur départ, pour exprimer leur générosité. Enfin, il est aussi utilisé dans certains traitements naturels (comme par exemple le traitement des angines, en utilisant les pattes des poules mélangées avec l'oignon ou les œufs mélangés avec de la farine).

Dans certains pays africains, l'élevage des poules locales est fortement influencé par les préférences du fermier liées aux considérations socio-culturelles et rituelles (Fotsa, 2008). Une étude réalisée en Ethiopie a montré que 26,6% des oiseaux ont été élevés pour être vendus, tandis que 25% étaient utilisés pour le sacrifice ou la guérison, 20,3% pour les échanges, et 19,5% pour la consommation à domicile (Dessie et Ogle, 2001).

2. Caractérisation morpho-biométrique des poules locales

Les enquêtes sur le terrain ont révélé une vaste diversité phénotypique chez les poules locales de l'Ouest algérien. Cette grande diversité qui caractérise généralement les poules locales indique la présence de plusieurs mutations contrôlant des traits morphologiques (Coquerelle, 2000).

Les analyses statistiques descriptives et exploratoires ont été réalisées, d'une part, pour décrire la population totale, et d'autre part pour avoir une idée sur le niveau de différenciation entre les trois écotypes LT, PI et HP.

2.1. Analyse descriptive

2.1.1. Description morphologique

Les résultats de la description morphologique de la poule locale de l'Ouest algérien sont récapitulés dans le tableau VI avec les effectifs par sexe et par zone ainsi que les résultats de relation entre les variables qualitatives et les deux facteurs sexe et zone.

Tableau VI : Effectifs étudiés et fréquences observées pour les caractères morphologiques des poules locales du Nord-Ouest algérien en fonction des zones.

Caractères morphologique	Littoral (effectifs)			Plaines intérieures (effectifs)			Hauts plateaux (effectifs)			Population totale (effectifs)			Test statistique	
	%M (44)	%F (150)	%T (194)	%M (11)	%F (74)	%T (85)	%M (8)	%F (47)	%T (55)	%M (63)	%F (271)	%T (334)	zone	sexe
Couleur du plumage													NS	NS
Doré	17,95	20,69	20,00	-	24,07	20,97	12,50	27,66	25,45	12,70	23,25	21,26		
Froment	5,13	18,97	15,48	18,75	14,81	15,32	12,50	17,02	16,36	9,52	16,97	15,57		
Noir	25,64	11,21	14,84	12,50	13,89	13,71	-	4,26	3,64	19,05	11,07	12,57		
Mille-fleurs	7,69	7,76	7,74	6,25	7,41	7,26	-	27,66	23,64	6,35	11,07	10,18		
Blanc	20,51	4,31	8,39	12,50	8,33	8,87	25,00	4,26	7,27	19,05	5,90	8,38		
Rouge	7,69	11,21	10,32	18,75	4,63	6,45	25,00	2,13	5,45	12,70	7,01	8,08		
Perdrix	2,56	9,48	7,74	-	7,41	6,45	-	-	-	1,59	7,01	5,99		
Caillouté	7,69	3,45	4,52	18,75	3,70	5,65	12,50	-	1,82	11,11	2,95	4,49		
Noir cuivré	2,56	5,17	4,52	6,25	3,70	4,03	-	2,13	1,82	3,17	4,06	3,89		
Coucou	-	2,59	1,94	6,25	0,93	1,61	12,50	8,51	9,09	3,17	2,95	2,99		
Saumon	2,56	3,45	3,23	-	1,85	1,61	-	4,26	3,64	1,59	2,95	2,69		
Gris	-	0,86	0,65	-	5,56	4,84	-	-	-	-	2,58	2,10		
Herminé	-	0,86	0,65	-	1,85	1,61	-	2,13	1,82	-	1,48	1,20		
Marron	-	-	-	-	1,85	1,61	-	-	-	-	0,74	0,60		
Répartition du plumage													NS	NS
Normal	84,62	86,21	85,81	81,25	83,33	83,06	100	82,98	85,45	85,71	84,50	84,73		
Huppé	-	12,07	9,03	6,25	11,11	10,48	-	8,51	7,27	1,59	11,07	9,28		
Cou nu	15,38	1,72	5,16	12,50	5,56	6,45	-	8,51	7,27	12,70	4,43	5,99		
Couleur de la peau													NS	NS
Blanche	23,08	25,86	25,16	25,00	23,15	23,39	75,00	51,06	54,55	30,16	29,15	29,34		
Rose	12,82	15,52	14,84	18,75	18,52	18,55	-	31,91	27,27	12,70	19,56	18,26		
Jaune	64,10	50,86	54,19	50,00	56,48	55,65	12,50	14,89	14,55	53,97	46,86	48,20		
Pigmentée	-	7,76	5,81	6,25	1,85	2,42	12,50	2,13	3,64	3,17	4,43	4,19		
Coloration des tarses													**	***
Jaune	64,10	55,17	57,42	68,75	37,96	41,94	87,50	42,55	49,09	68,25	46,13	50,30		
Grise	10,26	18,97	16,77	6,25	34,26	30,65	12,50	25,53	23,64	9,52	26,20	23,05		
Blanche	23,08	10,34	13,55	18,75	13,89	14,52	-	25,53	21,82	19,05	14,39	15,27		
Verte	2,56	7,76	6,45	-	9,26	8,06	-	4,26	3,64	1,59	7,75	6,59		
Noire	-	7,76	5,81	6,25	4,63	4,84	-	2,13	1,82	1,59	5,54	4,79		

M : mâle ; F : femelle ; T : totale ; NS : non significatif ($p > 0,05$) ; * : $p < 0,05$; ** : $p < 0,01$; *** : $p < 0,001$.

Tableau VI (Suite)

Caractères morphologique	Littoral (effectifs)			Plaines intérieures (effectifs)			Hauts plateaux (effectifs)			Population totale (effectifs)			Test statistique	
	%M (44)	%F (150)	%T (194)	%M (11)	%F (74)	%T (85)	%M (8)	%F (47)	%T (55)	%M (63)	%F (271)	%T (334)	zone	sexe
Type de crête													NS	NS
Simple	94,87	95,69	95,48	75	89,81	89,34	100	91,49	92,73	90,48	92,62	92,22		
Double	2,56	-	0,65	12,5	5,56	6,56	-	-	-	4,76	2,21	2,69		
Rosacée	2,56	2,59	2,58	-	1,85	1,64	-	2,13	1,82	1,59	2,21	2,10		
Noix	-	0,86	0,65	6,25	0,93	1,64	-	4,26	3,64	1,59	1,48	1,50		
Pois	-	0,86	0,65	6,25	1,85	2,46	-	2,13	1,82	1,59	1,48	1,50		
Coloration de crête													NS	NS
Rouge	100	83,62	87,74	100	90,74	91,94	100	70,21	74,55	100	84,13	87,13		
Rose	-	16,38	12,26	-	9,26	8,06	-	29,79	25,45	-	15,87	12,87		
Couleur du barbillon													NS	NS
Rouge	100	85,34	89,03	93,75	91,67	91,94	87,50	74,47	76,36	96,83	85,98	88,02		
Rose	-	14,66	10,97	-	7,41	6,45	-	21,28	18,18	-	12,92	10,48		
Pigmenté noir	-	-	-	6,25	0,93	1,61	12,50	4,26	5,45	3,17	1,11	1,50		
Forme des oreillons													NS	NS
Ovale	82,05	82,76	82,58	68,75	89,81	87,10	75,00	82,98	81,82	77,78	85,61	84,13		
Ronde	17,95	17,24	17,42	31,25	10,19	12,90	25,00	17,02	18,18	22,22	14,39	15,87		
Couleur des oreillons													NS	**
Rouge	64,10	48,28	52,26	62,50	47,22	49,19	37,50	38,30	38,18	60,32	46,13	48,80		
Blanc	12,82	30,17	25,81	12,50	32,41	29,84	25,00	40,43	38,18	14,29	32,84	29,34		
Rose	23,08	18,97	20,00	25,00	15,74	16,94	37,50	17,02	20,00	25,40	17,34	18,86		
Blanc centré	-	1,72	1,29	-	2,78	2,42	-	-	-	-	1,85	1,50		
Pigmentée noir	-	0,86	0,65	-	1,85	1,61	-	-	-	-	1,11	0,90		
Jaune	-	-	-	-	-	-	-	4,26	3,64	-	0,74	0,60		
Coloration des yeux													**	NS
Rouge orange	71,79	70,69	70,97	81,25	62,96	65,32	62,50	91,49	87,27	73,02	71,22	71,56		
Jaune	25,64	25,00	25,16	12,50	20,37	19,35	37,50	2,13	7,27	23,81	19,19	20,06		
Brun noir	2,56	4,31	3,87	6,25	16,67	15,32	-	6,38	5,45	3,17	9,59	8,38		
Couleur du bec													NS	NS
Corne	48,72	58,62	56,13	25,00	60,19	55,65	37,50	40,43	40,00	41,27	56,09	53,29		
Jaune	28,21	20,69	22,58	50,00	18,52	22,58	37,50	27,66	29,09	34,92	21,03	23,65		
Blanc	10,26	13,79	12,90	12,50	14,81	14,52	-	19,15	16,36	9,52	15,13	14,07		
Noir	12,82	6,90	8,39	12,50	6,48	7,26	25,00	12,77	14,55	14,29	7,75	8,98		
Forme du bec													NS	NS
Courbe	79,49	80,17	80,00	56,25	75,00	72,58	37,50	53,19	50,91	68,25	73,43	72,46		
Droit	20,51	19,83	20,00	43,75	25,00	27,42	62,50	46,81	49,09	31,75	26,57	27,54		

M : mâle ; F : femelle ; T : totale ; NS : non significatif ($p > 0,05$) ; * : $p < 0,05$; ** : $p < 0,01$; *** : $p < 0,001$.

- **Caractéristiques du plumage**

- **Couleurs de plumage**

Une grande diversité de couleur de plumage a été observée chez les poules locales échantillonnées (Figure 16). Les couleurs les plus fréquentes sont : le doré (21,3 %), le froment (15,6 %), le noir (12,6 %) et le mille-fleurs (10,2 %). Les autres couleurs : blanc, caillouté, coucou, noir cuivré, rouge, saumon, gris, herminé, marron et perdrix sont rencontrées avec des fréquences variant de 0,6 à 8 %.



Figure 16 : Quelques couleurs de plumage observées chez les poules locales de l'Ouest algérien.

Les mêmes couleurs de plumage ont été observées chez la poule Kabyle mais avec des fréquences différentes où la couleur noire et la couleur blanche étaient les plus abondantes (16.82% et 15.87% respectivement) (Moula et al., 2009). De même, ces couleurs de plumage ont aussi été observées dans plusieurs pays africains (Bénin, Cameroun, Congo Brazzaville et Sénégal) avec des fréquences différentes (Youssao et al., 2010; Fotsa et al., 2010; Akouango et al., 2004; Missohou et al., 1998). La grande variété de couleurs des plumages est ainsi le résultat de multiples croisements non contrôlés depuis plusieurs décennies, entre volailles ayant différents coloris de plumage, ce qui a donné naissance à d'autres combinaisons existantes. en faible proportion (Akouango et al., 2004). Cette variation de couleurs de plumage chez les poules a un certain nombre d'avantages. En effet, à cause de l'absence des moyens d'étiquetage, les éleveurs utilisent certains traits, comme la couleur et les motifs des plumes, pour distinguer leurs poules, les unes des autres.

Bien que nous remarquons une plus grande similarité entre les deux écotypes LT et PI par rapport à l'écotype HP concernant la distribution des couleurs de plumage (Figure 17), le résultat du test statistique quant à lui n'est pas significatif ($p > 0.05$). Pour l'écotype HP, quelques couleurs, comme les couleurs : doré, mille-fleurs et coucou sont beaucoup plus présentes que dans les deux autres écotypes, alors que d'autres couleurs sont faiblement présentes ou absentes, c'est le cas des plumages noir et gris respectivement.

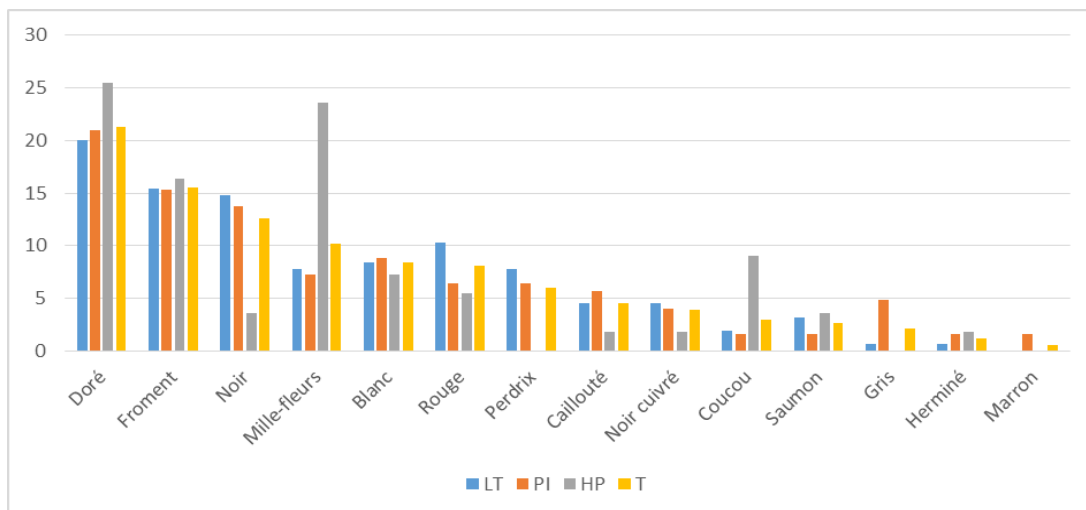


Figure 17 : Fréquences des couleurs de plumage des poules locales pour chaque écotype et pour la population totale.

La différence de répartition des couleurs de plumage a été observée dans plusieurs pays africains. Selon Fotsa (2008), cette différence est attribuée, soit à la différence de la pluviométrie entre les zones agro-écologiques du même pays soit à la préférence d'un phénotype donné dans une région par rapport à l'autre. Par exemple, au Sénégal les plumages fauve et rouge étaient plus fréquentes dans les zones à faible pluviométrie, alors que le blanc et l'herminé étaient abondants dans les zones à forte pluviométrie (Missohou et al., 1998). Au Bénin, le plumage blanc était plus fréquent dans les savanes et le noir dans les forêts. La fréquence élevée de la couleur blanche dans les savanes du Bénin était attribuée à leur utilisation fréquente dans les sacrifices religieux (Youssao *et al.*, 2010). Durant notre enquête sur le terrain, on a remarqué que les éleveurs n'avaient pas de préférence vis à vis d'une couleur de plumage en particulier.

▪ **Types de plumage**

Dans la présente étude, le type de plumage est normal chez la quasi-totalité des poules échantillonnées, le type frisé n'a pas été rencontré. Ce dernier était aussi absent en Kabylie (Moula *et al.*, 2009). Par contre quelques spécimens ont été observés par Halbouche et ses collaborateurs (2009) durant leurs enquêtes menées dans les wilayas de Tiaret et Relizane. Nous pouvons donc constater que, généralement, ce type de plumage est largement minoritaire dans le Nord algérien, région caractérisée par un climat méditerranéen tempéré. Cependant, ce type de plumage a une fréquence plus ou moins importante dans certains pays tropicaux, où il a été mentionné que ce phénotype permet une meilleure adaptation aux conditions environnementales locales (Merat, 1986 ; Keambou et al., 2007).

▪ **Répartition du plumage sur le corps**

Selon la répartition du plumage sur le corps, on distingue plusieurs phénotypes : «cou nu», «tarses emplumés», «huppé» et «barbu avec favori» qui sont dus à des gènes à effets visibles (Fotsa et al., 2007).

Dans notre étude, la répartition normale des plumes sur le corps est la plus représentée avec une fréquence de 84,7 %. La huppe (Figure 18a) est présente, avec une fréquence de 9,3 % dans la population totale. Elle est plus fréquente chez les femelles que chez les mâles (11,1 % vs 1,6 %). Les poules portant ce phénotype sont souvent préférées pour leurs bonnes performances de reproduction (Keambou et al., 2007). Le phénotype «cou nu» (Figure 18b) ne

représente qu'environ 6 % des effectifs et, à l'inverse du phénotype huppé, il est plus fréquent chez les mâles que chez les femelles, (12,7 % vs 4,4 %) pourtant c'est un caractère autosomique.



Figure 18 : Répartition des plumes sur le corps : (a) phénotype huppé ; (b) phénotype cou nu.

Le gène cou nu (Na) est décrit comme l'un des principaux gènes chez les poules locales ; il a un effet sur la tolérance à la chaleur (Horst, 1989). Néanmoins, nous remarquons qu'il est présent à de faible fréquence chez la poule locale de l'ouest algérien et encore moins chez la poule Kabyle (4,13 %) (Moula *et al.*, 2009). Les autres phénotypes tels que les « tarse emplumés » et « barbu avec favori », identifiés dans d'autres pays africains, n'ont pas été observés dans notre région d'étude.

Les fréquences de la répartition du plumage sont comparables entre les trois zones et les tests de liaisons (Tableau VI) ne sont pas significatifs ($p > 0.05$) pour les deux facteurs sexe et zone.

- **Coloration de la peau et des tarse**

La coloration de la peau est jaune avec une fréquence de 43,4 %, blanche (33,2 %), rose (20,1 %) et rarement noire (3,3 %). En ce qui concerne les tarse (Figure 19), la couleur jaune est la plus fréquente (50,3 %), suivie par la couleur grise (23,1 %) et blanche (15,3 %) alors que les couleurs verte et noire sont plus rares (6,6 et 4,5 %). La différence des fréquences de la coloration des tarse entre les mâles et les femelles et entre les trois zones est significative ($P < 0,01$). Les tarse à couleur sombre (gris, verte et noire) sont beaucoup plus fréquents chez les mâles alors que celles à couleur relativement claire (jaune et blanche) sont plus fréquentes chez

les femelles. La zone littorale présente la plus forte proportion d'individus aux tarsi jaunes (57,4%) et la plus faible proportion d'individus de type sauvage (tarsi gris) avec 16,8%. Ce dernier phénotype est plus fréquent dans les plaines intérieures tandis que les tarsi blancs sans plus fréquentes dans les hauts plateaux (Figure 20). La forte présence de la coloration jaune des tarsi et de la peau, traits caractéristiques des lignées commerciales, pourrait indiquer un phénomène d'introgession dans la population de poules locales (Fotsa, 2008). Ces résultats concordent avec ceux de Moula *et al.* (2009) concernant la poule kabyle.



Figure 19 : Quelques colorations des tarsi. (a) tarsi grises, (b) tarsi blanches, (c) tarsi noires, (d) tarsi jaunes.

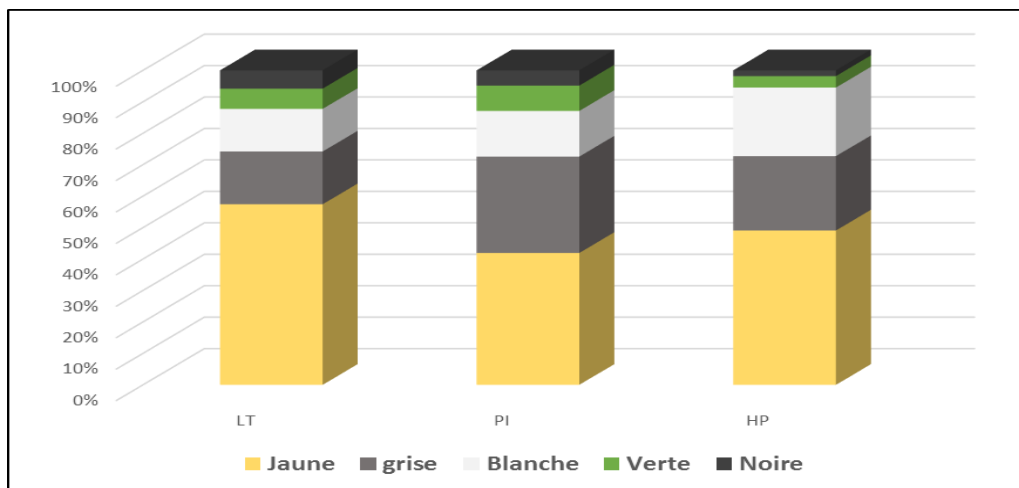


Figure 20 : Fréquences des couleurs des tarsi par écotype.

- **Caractéristiques de la crête**

Les types de crête rencontrés dans la population d'étude sont représentés dans la figure 21. La crête simple est largement majoritaire (92,2 %). On observe aussi la crête double, en pois, rosacée et en noix mais avec de faibles proportions (2,7 %, 2,1 %, 1,5 % et 1,5 % respectivement). La coloration des crêtes est le plus souvent rouge (87,1 %) et rarement rose (12,8 %). Les caractéristiques de la crête n'ont pas montré une différence significative ($p > 0.05$) selon la zone agro-écologique ou selon le sexe (Tableau VI).

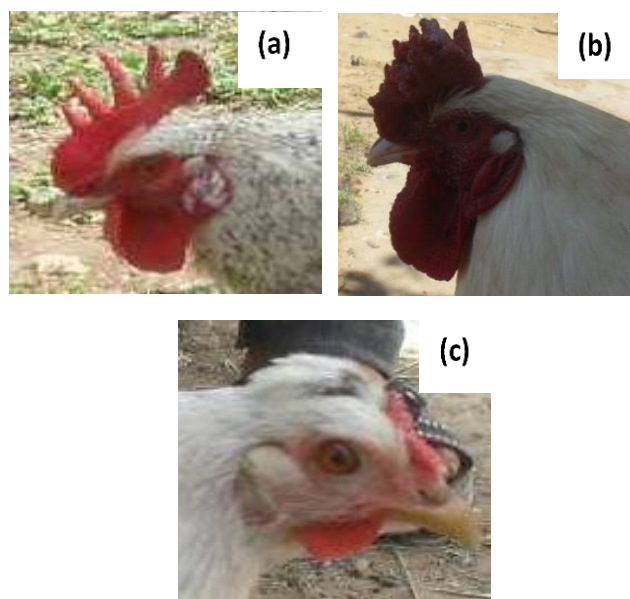


Figure 21 : Quelques types de crêtes. (a) crête simple, (b) crête rosacée, (c) crête en pois.

- **Forme et coloration des barbillons et des oreillons**

La couleur des barbillons est le plus souvent rouge (88 %), parfois rose (10,5 %) et rarement noire (1,5 %). Les barbillons roses n'ont pas été observés chez les mâles alors qu'ils ont été observés chez 15,9 % des femelles.

La forme des oreillons est généralement ovale (84,1 %). Le phénotype rond est moins fréquent (15,9 %). Leur couleur est le plus souvent rouge (48,8 %) ou blanche (29,3 %), voire rose (18,9 %). Les autres couleurs (blanc centré, jaune et pigmenté noir) sont très rares et ont été observées avec des fréquences de 1,5 %, 0,6 %, 0,9 % respectivement.

Les quelques poules aux oreillons "blanc centré" ou "pigmenté noir" ont été observées seulement dans les deux zones du littoral et des plaines intérieures alors que celles aux oreillons jaunes n'ont été observées que dans les hauts plateaux. Le test de différenciation selon la zone n'est pas significatif ($p > 0.05$) (Tableau VI). Par contre, les fréquences des oreillons rouges et roses sont significativement ($p < 0.01$) plus élevées chez les femelles et celles des oreillons gris sont plus élevées chez les mâles. Les autres couleurs (blanc centré, jaune et pigmenté noir) ne sont présentes que chez les mâles.

- **Coloration des yeux**

La coloration rouge orangée (type sauvage) des yeux est majoritaire (71,6 %), suivie par la coloration jaune (20,1 %) et brun noir (8,4 %).

La différence de fréquences de coloration des yeux entre les mâles et les femelles n'est pas significative ($p > 0.05$). Par contre la répartition de ces phénotypes est significativement ($p < 0.01$) différente dans les trois zones : les yeux "rouge orange" sont plus fréquents au niveau des hauts plateaux (91,5 %), les yeux jaunes sont plus observés au niveau du littoral (25.2%) qu'au niveau des hauts plateaux (7.3%), alors que les yeux "brun noir" sont plus fréquents au niveau des plaines (15.3%) qu'au niveau du littoral et des hauts plateaux (3.9% et 5.5%).

- **Forme et coloration du bec**

Le bec est soit courbe (72.5 %) soit droit (27.5 %). La coloration du bec est de type "corne", la plus fréquente (53,3 %) devant la coloration jaune (23,7 %), puis blanche (14,1 %) et noire (9 %).

Les différences entre le sexe ou entre les trois zones d'étude, pour les fréquences de la forme et de la coloration du bec ne sont pas significatives ($p > 0.05$) (Tableau VI).

Les caractéristiques enregistrées dans la présente étude pour la forme et/ou la couleur des crêtes, des oreillons, des barbillons, des yeux et du bec, sont en accord avec les résultats rapportés sur les poules locales dans le Nord-est d'Algérie (Moula *et al.*, 2009) et dans d'autres pays africains (Missohou *et al.*, 1998 ; Benabdeljelil et Bordas, 2005 ; Keambou *et al.* *et al.*, 2007).

2.1.2. Poids et mensurations corporelles

Le tableau VII présente la moyenne et l'écart-type de chaque variable quantitative mesurée avec les résultats de l'analyse de variance. Les mâles sont significativement plus lourds que les femelles ($p < 0,001$). De même, les autres mensurations considérées confirment le dimorphisme sexuel avec des valeurs significativement ($p < 0,001$) plus élevées chez le mâle que chez la femelle. Ce dimorphisme sexuel, qui est aussi observé dans les travaux de Benabdeljelil et Bordas (2005), Keambou et collaborateurs (2007), Mallia (1998) ainsi que Missohou et collaborateurs (1998), est dû à une croissance plus rapide chez les mâles par rapport aux femelles chez les volailles. Ceci suggère qu'un programme de sélection sur les caractères de croissance serait plus avantageux avec les mâles qu'avec les femelles (Keambou et al., 2007). Les coefficients de variation, allant de 15,16 % à 69,06 %, indiquent une grande variation des mensurations corporelles au sein de la population totale. La longueur et le diamètre du tarse ainsi que la hauteur de la crête présentent une différence significative ($P < 0,01$) entre les trois zones agro-écologiques.

Tableau VII : Résultats d'analyse de variance pour les mensurations corporelles : moyennes des moindres carrés et écart-type par sexe et par région des poules locales du Nord-Ouest algérien.

	Littoral			Plaines intérieures			Hauts plateaux			Population totale				Test statistique	
	M	F	T	M	F	T	M	F	T	M	F	T	CV %	Région	Sexe
PC	1830	1363	1480	1834	1333	1398	1721	1240	1310	1817	1335	1422	22,29	NS	***
	±283	±255	±331	±347	±244	±309	±280	±172	±254	±297	±227	±317			
LTr	80,43	60,45	65,48	94,25	64,94	68,75	94,12	66,65	70,65	58,68	63,56	67,54	21,53	**	***
	±16,9	±10,0	±14,88	±14,4	±9,73	±14,35	±16,38	±7,48	±13,34	±17,4	±9,00	±14,5			
DT	45,35	39,37	40,88	47,81	39,41	40,50	46,75	39,06	40,18	46,15	39,47	40,62	15,16	**	***
	±6,88	±6,00	±6,74	±5,45	±5,43	±6,11	±4,16	±3,26	±0,43	±6,72	±4,80	±6,15			
LB	37,05	15,71	21,11	36,62	13,34	16,37	40,12	11,08	15,30	37,3	14,02	18,39	69,06	NS	***
	±10,89	±7,60	±12,61	±14,2	±8,51	±12,24	±13,5	±6,02	±12,6	±11,9	±7,80	±12,7			
HC	47,30	23,43	29,44	40,50	17,54	20,52	46,00	16,00	20,36	45,41	19,9	24,64	62,64	**	***
	±14,22	±11,2	±15,90	±11,2	±11,4	±13,79	±10,7	±8,55	±13,8	±13,2	±11,3	±15,4			

*M : mâle ; F : femelle ; T : totale ; PC : Poids corporel ; LTr : Longueur du tarse ; DT : Diamètre du tarse ; LB : Longueur du barbillon ; HC : Hauteur de la crête ; NS : non significatif ($p > 0,05$) ; ** : $P < 0,01$; *** : $P < 0,001$.*

Le tableau VIII présente la corrélation entre les différentes mensurations du corps des poules locales de l'ouest algérien. La longueur du barbillon est hautement significativement ($p < 0,001$) et fortement (0,87) corrélée avec la hauteur de la crête. Le poids corporel est significativement ($p < 0,01$) corrélé avec la longueur du barbillon (0,63), la hauteur de la crête (0,59), le diamètre des tarse (0,54) et la longueur des tarse (0,40). Ce dernier paramètre corrèle (0,31) significativement ($p < 0,05$) avec le diamètre des tarse. La corrélation positive entre le poids et les autres mensurations corporelles suggère que la sélection pour l'un de ces paramètres corporels entraînerait une amélioration indirecte du poids corporel, rapporté par Apuno et collaborateurs (2011).

Tableau VIII : Corrélations entre les différentes mensurations corporelles chez la poule locale du Nord-Ouest algérien.

	Poids corporel	Longueur du barbillon	Longueur du tarse	Hauteur de la crête
Diamètre du tarse	0,54**	0,51**	0,31*	0,44**
Hauteur de la crête	0,59**	0,87***	0,41**	
Longueur du tarse	0,40**	0,44**		
Longueur du barbillon	0,63**			

* : $p < 0,05$. ** : $p < 0,01$. *** : $p < 0,001$.

2.2. Analyse exploratoire

L'analyse d'Hill & Smith a été réalisée, en premier temps, sur toutes les variables. Le résultat de cette analyse a montré que la part cumulée d'informations restituées, sur les deux premiers axes que nous considérons, est de 36%, ce qui est relativement faible. Afin d'avoir une représentation plus pertinente, nous avons réalisé deux traitements. Le premier est un filtre, en retenant les variables les plus contributives à la formation des 2 axes retenus. Le deuxième est un équilibrage des variables qualitatives par regroupement des catégories (phénotypes) présentant des faibles effectives. Ensuite, nous avons lancé une deuxième analyse d'Hill & Smith. La part cumulée d'informations restituées dans ce cas est de 60% permettant d'avoir une meilleure représentation de la relation entre l'ensemble des données (Figure 22).

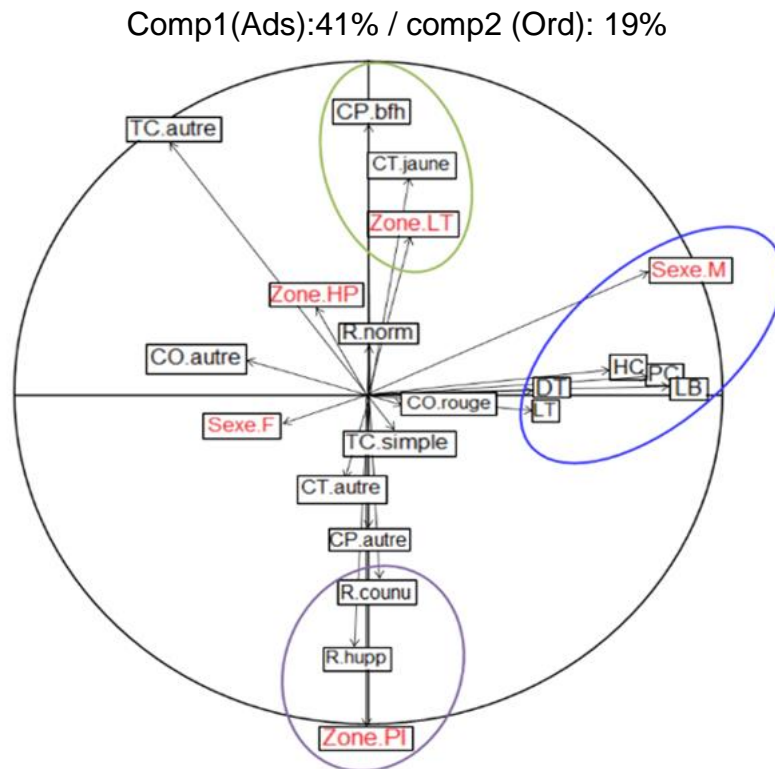


Figure 22 : Résultat de l'analyse de Hill & Smith.

Zone.LT: zone du littoral ; Zone.PI: zone des plaines intérieures ; Zone.HP: zone des hauts plateaux ; M: mâle ; F: femelle ; DT: diamètre du tarse ; LT: longueur de tarse ; PC: poids du corps ; HC: hauteur de la crête ; LB: longueur du barbillon ; CP.bfh : couleurs, blanche, froment et herminée du plumage ; TC.simple : type de crête simple ; CT.jaune : couleur du tarse jaune ; CO.rouge : couleur des oreillons rouge ; R.norm : répartition du plumage normale ; autre : pour chaque variable désigne les phénotypes regroupés.

Les projections sur la composante 1 (axe des abscisses) mettent en évidence un groupe de variables qui discriminent bien les mâles des femelles : poids du corps, longueur du tarse, diamètre du tarse, longueur du barbillon, hauteur de la crête. La composante 2 (axe des ordonnées) permet d'associer certaines caractéristiques morphologiques avec un des écotypes : le plumage de couleur clair et les tarses jaunes sont attribués à l'écotype LT. Cela nous laisse penser que cet écotype est plus influencé par l'introgession des souches exotiques que les deux autres. En effet, l'introduction des souches industrielles, a commencé en premier dans les régions littorales. Les yeux de couleur "rouge orange" (sauvage) sont plutôt attribués à l'écotype HP tandis que le phénotype "huppé" et "cou nu" sont plutôt attribués à l'écotype PI. Ces

interrelations peuvent être accordées soit aux différences climatiques entre les zones agroécologiques soit à la préférence d'un phénotype donné dans une zone par rapport à l'autre.

La figure 23 représente la répartition des individus mâles, femelles, ainsi que les animaux des zones HP, LT et PI sur les composantes retenues. Nous constatons que le jeu de variables filtrées permet de séparer de façon claire les mâles des femelles (Figure 23a), mais il ne permet pas de séparer les écotypes selon la zone agro-écologiques (Figure 23b). On constate la même chose lorsque la projection est faite en fonction du «sexe» et de la «zone» (Figure 23c).

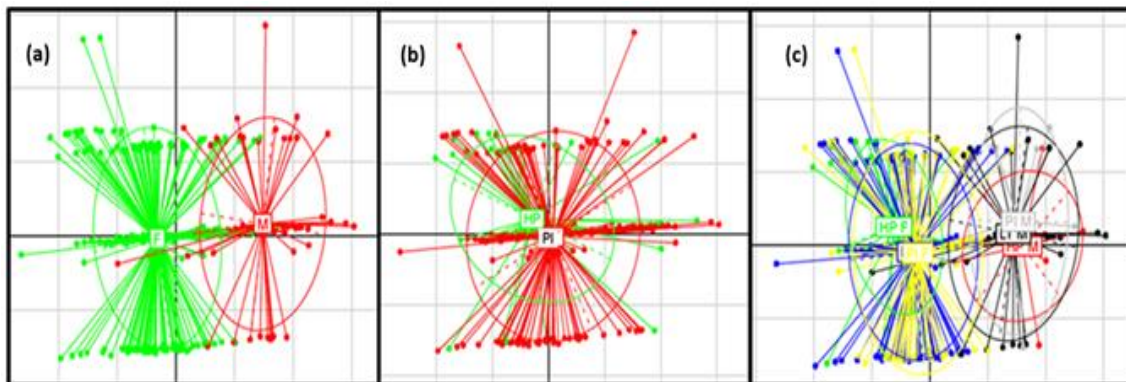


Figure 23 : Répartition des individus mâles, femelles des trois zones HP, LT et PI sur les composantes retenues par l'analyse de Hill & Smith.

(a) répartition des individus selon le sexe (mâle (M) et femelle (F)). (b) répartition des individus selon la zone (littoral (LT), plaines intérieures (PI) et hauts plateaux (HP)). (c) répartition des individus selon le sexe et la zone.

Pour conclure, les résultats de l'analyse de Hill et Smith confirment le dimorphisme sexuel chez l'espèce poule mais ne permettent pas de différencier les trois écotypes des trois zones géographiques. D'autres facteurs que la géographie, tels que des flux migratoires et l'absence de notion de race chez l'éleveur de ces régions, pourraient donc influencer la structure de la population des poules locales.

IV. Conclusion

Les enquêtes ont permis de décrire l'état de l'élevage de la poule locale dans la région de l'Ouest algérien sur différents plans (état socio-économique de l'éleveur, mode d'élevage, reproduction et destination des produits d'élevage) et de caractériser phénotypiquement 334 poules locales. Nous avons constaté que les femmes sont les principales responsables des élevages avicoles et qu'elles utilisent le revenu modeste de ce type d'exploitations pour répondre à certaines charges de leurs maisons et de leurs enfants. Les poules sont élevées dans des conditions médiocres et par conséquent la productivité est faible. La plupart des éleveurs ne se soucient pas d'offrir un logement à leurs volailles et ceux qui le font, n'assurent qu'un abri très mal conçu. Plus des trois quarts des élevages étaient en semi-liberté, les poules passent leurs journées à se déplacer pour chercher leur nourriture et les nuits à l'intérieur des poulaillers. Ces derniers sont généralement exigus et ne protègent pas correctement les oiseaux contre les intempéries, les prédateurs et les facteurs pathogènes. Les éleveurs enquêtés ne pratiquent aucun système d'alimentation rationnel, les oiseaux se nourrissent avec ce qu'ils trouvent au cours de la divagation. Le complément, constitué de déchet de maïs et de grains d'orge, est généralement attribué aux animaux en quantité insuffisante, de plus, il est dépourvu de tout supplément vitaminique ou minéral. Les performances de la poule locale algérienne sont faibles par rapport aux souches commerciales, mais elles se situent dans l'intervalle des moyennes déclarées pour la poule locale dans d'autres pays maghrébins et subsahariens de l'Afrique.

La diversité phénotypique considérable observée chez la population de poule locale de l'Ouest algérien s'explique par l'absence de sélection directionnelle. L'étude de la diversité phénotypique des autres populations locales du pays, notamment celles du sud algérien, devrait être effectuée pour compléter l'information sur la diversité globale de cette espèce au niveau national et pour étudier l'effet des conditions climatiques sur la fréquence de certains phénotypes (par exemple le phénotype "cou nu"). Les résultats de la caractérisation phénotypique, ne montrent pas de différenciation des poules locales en fonction des trois zones agro-écologiques (LT, PI et HP). Il semble que les trois écotypes considérés sont le reflet d'une seule population. Dans une deuxième étape, la caractérisation génétique par des marqueurs moléculaires doit être effectuée pour évaluer la diversité génétique de cette population au niveau moléculaire et pour confirmer ou infirmer les résultats cités ci-dessus.

Partie 2.

Caractérisation moléculaire des populations de poules locales de l'Ouest algérien

I. Introduction

Au cours de ces dernières années, la gestion de la biodiversité des animaux d'élevage est devenue une question importante pour la communauté scientifique internationale. En raison de grands changements dans les systèmes de production, plusieurs races sont disparues et d'autres sont diluées par les croisements avec les souches commerciales (FAO, 2007). Cette menace atteste la nécessité de la valorisation et la conservation des ressources génétiques locales, alors que tout programme établi requiert la connaissance préalable de ces dernières.

En Algérie, en absence de toute information sur l'état de la diversité génétique, la structuration et l'origine des populations de poules locales, l'utilisation des marqueurs moléculaires peut fournir des estimations fiables de la diversité génétique au sein et entre les différentes populations. Elle peut aussi donner des informations sur les relations évolutives et les filiations au sein des populations. Les marqueurs moléculaires offrent le grand avantage de permettre une évaluation directe de la diversité génétique, et qui est par définition, indépendante des effets du milieu (Ollivier *et al.*, 2000). Parmi ces marqueurs, les microsatellites ont acquis le statut de marqueurs favoris en génétique des populations parce qu'ils sont bien dispersés dans le génome et très polymorphe. De ce fait, leur application comme outil d'évaluation génétique est tout à fait significatif (Gholizadeh et Mianji, 2007). L'utilité des microsatellites dans l'estimation de la diversité et des relations génétiques entre les populations, chez l'espèce poule, a été démontrée dans un certain nombre de races indigènes et sauvages et de lignées consanguines (Crooijmans *et al.*, 1996; Zhou et Lamont, 1999; Zhang *et al.*, 2002; Hillel *et al.*, 2003; Kong *et al.*, 2006; Shahbazi *et al.*, 2007; Berthouly *et al.*, 2008; Kaya et Yıldız, 2008; Granevitze *et al.*, 2009; Leroy *et al.*, 2012). Leur utilisation permet des méta-analyses et des comparaisons entre différentes unités de recherche indépendantes à l'échelle internationale.

Le but de cette partie de la thèse est d'une part d'étudier la variabilité génétique des poules locales de l'Ouest algérien, au sein et entre les trois écotypes LT, PI et HP et d'autre part, d'évaluer le degré d'introgession génétique des lignées commerciales au sein des populations locales.

II. Matériel et méthodes

1. Choix des échantillons

Parmi les 364 poules échantillonnées durant l'enquête sur le terrain, 240 échantillons ont été choisis pour être génotypés, en gardant tous les coqs et en réduisant le nombre de poules provenant d'un même élevage. Les effectifs par wilaya et par village sont présentés dans le tableau IX. Pour chaque village (site d'échantillonnage), les données géographiques : altitude, latitude et longitude, ont été enregistrées pour être utilisées dans l'analyse statistique supervisée.

L'extraction de l'ADN à partir des échantillons sanguins des poules locales a été effectuée au niveau du laboratoire LGMC, USTO-MB. Le test de qualité des ADN extraits ainsi que le génotypage par séquenceur automatique, de ces échantillons, ont été réalisés à LABOGENA, INRA, Jouy-en-Josas, France.

Tableau IX: Informations sur les sites d'échantillonnage et effectifs des oiseaux génotypés par chaque site.

Zone	Wilaya	Village	Longitude	Latitude	Altitude (m)	T (°C)	N° échantillonnés	N° génotypés
Littoral (LT)	Ain-Temouchent	Ain El kihal	-1.200042	35.199202	463	28.2	7	5
		Chaabet El Leham	-1.101465	35.334821	168		5	5
		Hassi El Ghellat	-1.046104	35.455042	110		9	8
		El Malah	-1.095071	35.387301	78		11	7
	Mostaganem	Boughirate	0.254745	35.743726	89	28.4	16	11
		Ouled El Bachir	0.173721	35.910742	184		27	14
		Sidi Lakhder	0.432587	36.166705	135		17	10
		Sirate	0.198441	35.781057	54		10	5
	Oran	El Mehgone	-0.416965	35.782728	139	27.5	8	3
		Es-Senia	-0.620041	35.636232	88		9	5
		Missreghin	-0.732951	35.616349	115		17	13
		Oued Telilat	-0.45104	35.549966	134		18	15
	Tlemcen	Ghazaouete	-1.84948	35.099687	9	30.2	9	3
		Maghniya	-1.762619	34.84903	409		31	9
	/	/	/	/	155.36	28.57	194	113
	Plaines intérieures (PI)	Mascara	El Gaada	-0.315	35.425278	416	31.7	15
El Souahlia			-0.181961	35.517138	199	10		6
Oued Al Abtal			0.685315	35.456661	255	6		4
Relizane		Zemmora	0.744324	35.650601	467	32.2	7	4
		Sidi Khatab	0.476532	35.92242	109		9	4
		Oued Rhio	0.903196	35.952372	201		4	2
Sidi Bel Abbass		Ain El Bard	-0.512778	35.365833	489	38.2	9	7
		Lamtar	-0.798569	35.062601	580		18	10
		Tabia	-0.733889	35.017778	614		8	6
/		/	/	/	370	34.03	86	52
Hauts Plateaux (HP)	Tiaret	Ain El Hadid	0.884571	35.053713	840	34.6	9	8
		Mahdia	1.759444	35.426389	908		5	3
		Chehaima	1.306667	34.921971	1086		5	2
		Guertoufa	1.256111	35.393056	911		6	4
	Saida	Youb	-0.20462	34.918593	640	35.6	11	9
		Ain El Hadjar	0.145696	34.75946	1023		19	12
	Naâma	Kasdir	-1.358893	33.709726	1000	38.9	16	16
		Mben	-0.726955	33.716678	1072		14	14
/	/	/	/	935	36.36	85	68	
3	10	31	/	/	/	/	365	233

T : température annuelle moyenne

Par ailleurs, un échantillon d'animaux appartenant à dix autres populations a également été inclu dans l'étude pour fournir un large éventail de diversité génétique et pour mettre en évidence d'éventuels impacts de ces lignées dans le pool de gènes locaux. Il s'agit de deux populations de poule rouge sauvages de la jungle, quatre lignées commerciales pures hautement sélectionnées pour la chair ou pour la ponte et quatre lignées françaises de poulets Labels à croissance lente. Le tableau X récapitule les effectifs et les codes pour l'ensemble des populations de notre étude.

Les échantillons des populations sauvages et des lignées commerciales proviennent de la banque d'ADN constituée lors du projet AvianDiv ("Avian Diversity", projet de collaboration européenne sur la biodiversité des poules) et gérée par l'UMR INRA/AgroParisTech, GDA 'Génétique et diversité animales'. Ils ont été re-génotypés en 2009 dans le laboratoire LABOGENA. Les poulets Labels ont été aussi génotypés dans ce laboratoire en 2012. Ainsi, tous les génotypes ont été obtenus avec le même équipement au même laboratoire.

Tableau X : Origine et taille des échantillons des populations de poules étudiées.

Type	Origine	Code	Effectif
Populations locales	Littoral	LT	113
	Plaines intérieures	PI	52
	Hauts plateaux	HP	68
Total			233
Populations sauvages	<i>Gallus gallus gallus</i>	GGG	15
	<i>Gallus gallus Spadiceus</i>	GGs	16
Total			31
Lignées commerciales « chair »	Broiler-lignée mâle	Br-m	25
	Broiler-lignée femelle	Br-f	25
Total			50
Lignées commerciales « ponte »	White egg layer	WEL	25
	Brown egg layer	BEL	25
Total			50
Labels	Label A	Lab-A	25
	Label B	Lab-B	25
	Label C	Lab-C	25
	Label D	Lab-D	25
Total			100

2. Extraction de l'ADN génomique

L'extraction de l'ADN total à partir des échantillons sanguins de poules locales algériennes prélevés durant l'enquête sur le terrain a été réalisée par l'utilisation du Kit « Qiamp DNA Mini Kit (Qiagen®) ». L'utilisation de ce Kit permet l'obtention de l'ADN même à partir de faible volume de sang contrairement à la technique d'extraction au NaCl utilisée habituellement dans notre laboratoire.

Le kit d'extraction Qiamp DNA Mini Kit® (Qiagen®) (Figure 24) permet l'extraction et la purification de l'ADN génomique à partir de prélèvements biologiques, entre autre le sang périphérique total. Il est basé sur l'utilisation de tampons optimums pour lyser complètement les cellules et augmenter l'adsorption sélective des acides nucléiques sur une membrane dans une colonne composée de surfaces de silices (SiO₂) ayant une remarquable affinité pour l'ADN. Après addition de l'éthanol, l'ADN est adsorbé par cette membrane, alors que les contaminants passent à travers. Les inhibiteurs, tout comme les cations divalents et les protéines, sont complètement éliminés par deux lavages successifs. L'ADN est alors décroché de cette matrice par élution dans un tampon adéquat.

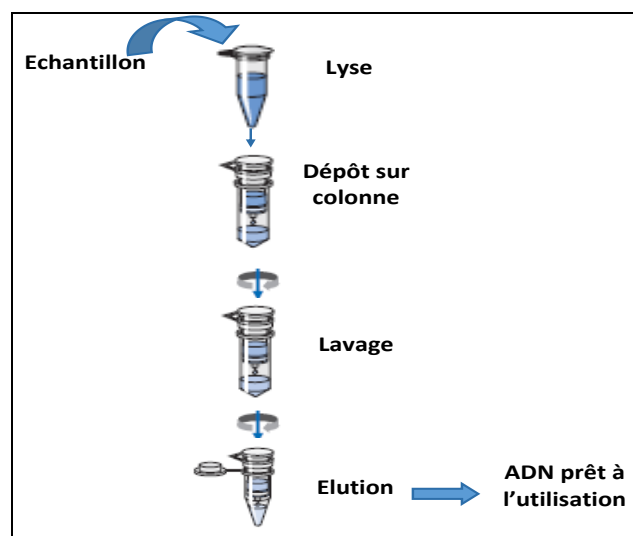


Figure 24 : Procédure d'extraction de l'ADN par le kit Qiamp DNA Mini Kit® (Qiagen®).

(<http://www.qiagen.com/>)

Le protocole détaillé de l'extraction d'ADN avec le kit Qiamp DNA Mini Kit® (Qiagen®) est présenté dans l'annexe 7.

3. Contrôle de la qualité d'ADN

Afin de contrôler la qualité des ADN extraits, nous avons réalisé un dosage au Nanodrop et une électrophorèse sur gel d'agarose.

3.1. Analyse qualitative des ADN extraits

L'électrophorèse en gel d'agarose permet de vérifier la présence et l'intégrité des ADN. Le principe de cette analyse repose sur la migration des molécules d'acides nucléiques et leur séparation selon leur taille.

L'électrophorèse a été réalisée sur un gel d'agarose à 1 % (*E-gel 48, 1%, Invitrogen*). Le gel contient le BET, agent intercalant de l'ADN, qui va s'intercaler entre les bases des nucléotides de l'ADN et émettre une fluorescence, une fois excitée par les rayons UV. Le marqueur moléculaire (*Benchmark 100bp DNA Ladder, Promega*,) et les aliquotes d'ADN sont déposés dans les puits. La migration s'est effectuée sur des plaques spécifiques (*Mother E-Base, Invitrogen*), à 100 volts pendant 15 minutes.

3.2. Analyse quantitative des ADN extraits

La concentration et le degré de pureté des ADN sont mesurés à l'aide d'un spectrophotomètre Nanodrop (ND-1000) en déposant directement 1 microlitre (μl) d'échantillon. Effectivement, le dosage au Nanodrop a deux principaux avantages : utilise un faible volume d'échantillon et pas de nécessité de réaliser des dilutions.

L'ADN absorbe majoritairement à 260 nm « *nanomètre* » et les protéines à 280 nm. Sachant qu'une unité de densité optique (DO) à 260 nm correspond à une concentration de 50 $\mu\text{g/ml}$ d'ADN double brin (Kaplan et Delpech, 1993), la valeur de DO à 260nm permet de déterminer la concentration des ADN. Le rapport DO 260/ DO 280 permet d'évaluer la pureté des acides nucléiques. Pour considérer un échantillon pur en ADN, ce rapport doit être compris entre 1,8 et 2,0. L'échantillon est considéré contaminé par les sels si ce rapport est supérieur à 2,0 et par les protéines s'il est inférieur à 1,8.

4. Génotypage des marqueurs microsatellites par séquenceur automatique

Cette étape, consiste tout d'abord à amplifier des microsatellites par la technique PCR, ce qui génère des fragments de longueur variable d'un allèle à l'autre. En marquant l'une des amorces utilisées avec un fluorochrome, nous pouvons déterminer ensuite, par électrophorèse capillaire, la longueur exacte de chaque allèle microsatellite étudié chez un individu. Comme l'appareil utilisé peut détecter cinq fluorochromes différents et que le même fluorochrome peut être utilisé pour plusieurs microsatellites différents (lorsque les tailles maximales des fragments d'un marqueur ont une différence de plus 100 nucléotides avec la taille minimale du microsatellite suivant dans l'ordre de grandeur des allèles), nous pouvons réaliser de multiplex aux plusieurs marqueurs pouvant être amplifiés dans un même tube.

4.1. Principes des techniques

4.1.1. Amplification des marqueurs microsatellites

4.1.1.1. Principe de la PCR classique

La PCR est une technique de biologie moléculaire mise au point par Mullis en 1985. Elle permet d'amplifier, *in vitro*, un fragment d'ADN double brin grâce à l'activité polymérisique d'une ADN polymérase thermorésistante ((Taq polymérase), extraite d'une bactérie thermophile «*Thermus aquaticus*»), par un procédé d'extension de deux amorces (sens et antisens) de 20 à 25 nucléotides, complémentaires des extrémités 3' des deux brins d'ADN et encadrant spécifiquement la séquence à amplifier.

La PCR repose sur un processus cyclique de 3 phases (Figure 25) :

- **Dénaturation de l'ADN double brin :**

Cette étape consiste à séparer par la chaleur (de 94°C à 92°C) les deux brins d'ADN en rompant les liaisons d'hydrogène. Les deux simples brins résultant peuvent alors servir de matrice à la synthèse de nouveaux brins.

- **Hybridation des amorces :**

Les amorces s'hybrident avec tout ADN comportant la séquence complémentaire. La température de cette étape est spécifique à chaque protocole de PCR car elle dépend de la

longueur des amorces et de leur composition en oligonucléotides. En général, cette température est comprise entre 45°C et 65°C.

- **Elongation des amorces :**

Cette étape se déroule généralement à la température optimale de l'ADN polymérase (72°C) et sa durée dépend principalement de la longueur de l'amplimère. La polymérase incorpore, à l'extrémité 3' de l'amorce appariée à la cible, les dNTP « *Désoxynucléotides triphosphates* » complémentaires de la séquence de la matrice à laquelle elle est hybridée. Ainsi, chaque amorce est allongée dans le sens 5' vers 3'. Il en résulte deux ADN bicaténaire.

Le cycle suivant, les brins néosynthétisés serviront eux-mêmes de matrice pour initier l'étape de polymérisation par l'ADN polymérase. La répétition du cycle triphasique permet une amplification exponentielle de la séquence génomique cible, soit une amplification théorique égale à 2^n fois où n représente le nombre de cycles d'amplification effectués. Cependant le rendement réel de la réaction d'amplification de l'ADN est d'environ 70%.

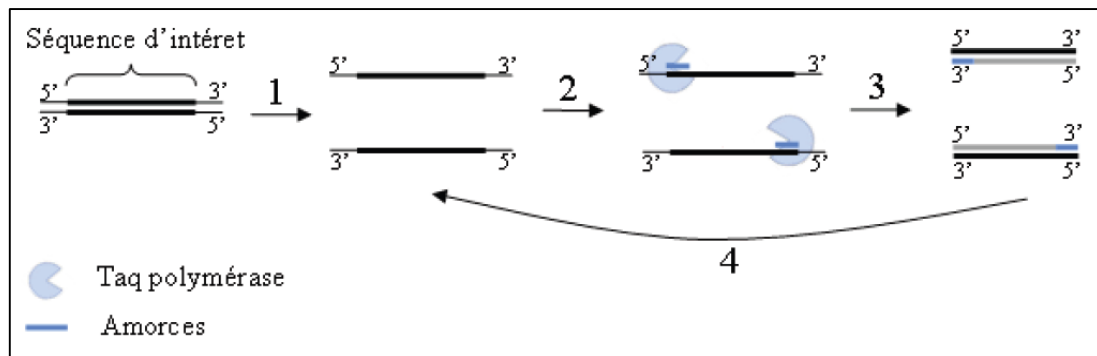


Figure 25 : Schéma du principe de la PCR.

1 : dénaturation du double brin d'ADN par chauffage ; 2 : hybridation des amorces ; 3 : synthèse de la séquence complémentaire au brin matrice ; 4 : ce cycle de 3 étapes est répété n fois.

4.1.1.1. Amplification en Multiplex

La PCR multiplex consiste à amplifier simultanément plusieurs séquences cibles (au moins deux) dans un même tube d'amplification. Ainsi, la réaction d'amplification contiendra les paires d'amorces encadrant plusieurs sites génétiques à amplifier. Puisque les concentrations optimales de réactifs, la durée et les températures de réaction sont spécifiques à chaque paire d'amorces, des arrangements pour ces différents paramètres sont établis afin d'obtenir des résultats satisfaisants. L'analyse par PCR multiplex exige aussi que les différents fragments amplifiés soient de tailles différentes afin qu'il soit possible de déterminer de quels sites

génétiques ils proviennent. Il est aussi possible d'utiliser des amorces marquées avec des fluorochromes, émettant à des longueurs d'ondes différentes, spécifiques pour chaque site amplifié. Cela permet de distinguer entre les allèles, de différents marqueurs, ayant des tailles chevauchantes de plusieurs sites génétiques par rapport à la longueur des fragments (Figure 26). Cette façon de procéder pour l'amplification permet de réduire le temps d'analyse ainsi que les coûts et la quantité de matériel génétique utilisé.

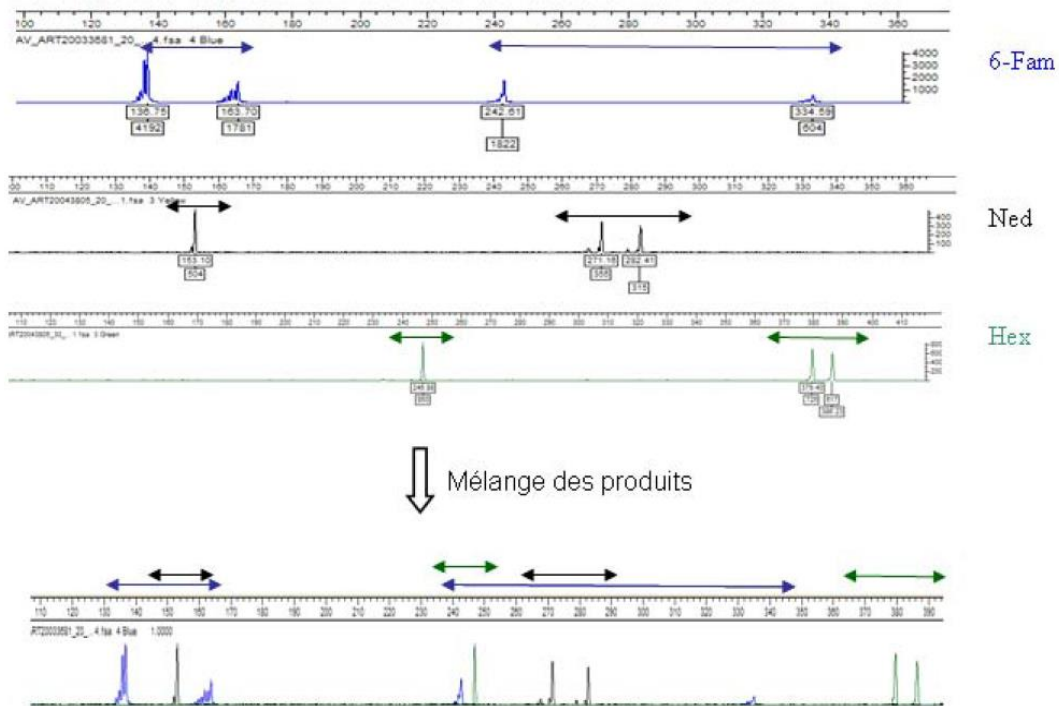


Figure 26 : Exemple d'un résultat d'une PCR multiplex (Nikolic, 2009).

Chaque flèche horizontale représente un microsatellite, et la longueur des flèches la fourchette de tailles attendues pour ses allèles. Ici, nous avons représenté trois microsatellites par fluorophore (6-Fam, Ned et Hex) et nous pouvons voir l'importance des tailles dans l'élaboration de nos jeux de marqueurs pour qu'il n'y ait pas de recouvrement. Pour chaque marqueur la visualisation de 2 pics représente un individu hétérozygote et un seul pic un individu homozygote.

4.1.2. Electrophorèse capillaire

L'électrophorèse capillaire (EC) est une technique d'analyse qui permet la séparation et la quantification d'une large gamme d'analytes, notamment l'ADN, à l'aide d'un capillaire de moins de 50 micromètre (μm) de diamètre et en fonction du rapport masse/charge d'analytes. En effet, les fragments d'ADN à analyser se déplacent vers le pôle positif et sont séparés selon leur masse : les fragments avec une masse moléculaire plus faible vont se déplacer plus rapidement à travers le capillaire, et les fragments avec un poids moléculaire plus élevé, se

déplaceront plus lentement. Ces fragments d'ADN sont liés à des marqueurs fluorescents et sont détectés par un laser à argon, qui les excite à différentes longueurs d'onde.

Afin de calibrer le signal émis par chaque fragment d'ADN et pouvoir donc détecter sa taille, il est nécessaire d'ajouter un marqueur fluorescent (par exemple Liz 500), avec chaque échantillon. Le software couplé au séquenceur reconnaît les positions (avec les tailles en pb correspondant) des sommets du marqueur Liz 500 à partir d'une matrice de données connue. Puis, en utilisant une ligne de régression, le software est capable d'estimer quelles sont les tailles absolues des allèles pour chaque échantillon.

4.1.3. Analyse des électrophérogrammes

Le traitement des ADN par le séquenceur automatique génère des électrophérogrammes représentant les différents allèles contenus dans le génotype de chaque individu. Ils sont enregistrés automatiquement dans des fichiers au niveau de l'ordinateur couplé au séquenceur.

Pour mener à bien l'analyse des électrophérogrammes et identifier la taille des allèles, il est nécessaire de traiter ces fichiers avec d'autres programmes tels que GeneMapper ou Strand qui offrent une fonction de génotypage automatique des individus (par taille en pb des microsatellites) et permet ensuite de révéler les allèles pour chaque individu sous forme de tableaux.

4.2. Protocole expérimental

4.2.1. Choix des marqueurs et préparation des amorces

Un panel de 23 marqueurs microsatellites a été choisi (Tableau XI). L'ensemble de ces marqueurs fait partie d'une liste de microsatellites recommandée par la FAO pour l'étude de la diversité et la structure génétique des races de poules à l'échelle mondiale et dont 22 font partie du panel AvianDiv. Les amorces utilisées sont marquées par quatre fluorophores différents : 6-FAM (émet dans le bleu), HEX (émet dans le vert), BET (émet dans le rouge) et NED (émet dans le jaune). Les amorces reçues sont resuspendues, en utilisant de l'eau ultra-pure, pour une concentration finale de 250 pmol/μl. Par la suite les marqueurs sont regroupés en multiplex de quatre marqueurs de sorte qu'ils puissent être distingués par leur fluorophore. Ainsi, six multiplex ont été constitués : cinq Quadriplex et un Triplex (Tableau XI).

Tableau XI : Liste des marqueurs microsatellites utilisés pour le génotypage des poules locales et des poules de référence.

Multiplex	Nom du Locus	Chromosome	Amorce sens	Amorce anti-sens	Tm* (°C)	Fluorophore	Couleur
1	MCW0295	4	ATCACTACAGAACACCCTCTC	TATGTATGCACGCAGATATCC	60	VIC	Green
	ADL0268	1	CTCCACCCCTCTCAGAACTA	CAACTTCCCATCTACCTACT	60	PET	Red
	MCW0111	1	GCTCCATGTGAAGTGGTTTA	ATGTCCACTTGTCAATGATG	60	6-FAM	Blue
	ADL0278	8	CCAGCAGTCTACCTTCCTAT	TGTCATCCAAGAACAGTGTG	60	NED	Yellow
2	ADL0112	10	GGCTTAAGCTGACCCATTAT	ATCTCAAATGTAATGCGTGC	58	VIC	Green
	MCW0081	5	GTTGCTGAGAGCCTGGTGCAG	CCTGTATGTGGAATTACTTCTC	60	PET	Red
	MCW0078	5	CCACACGGAGAGGAGAAGGTCT	TAGCATATGAGTGTACTGAGCTTC	60	6-FAM	Blue
	MCW0216	13	GGGTTTTACAGGATGGGACG	AGTTTCACTCCCAGGGCTCG	60	NED	Yellow
3	MCW0037	3	ACCGGTGCCATCAATTACCTATTA	GAAAGCTCACATGACACTGCGAAA	62	VIC	Green
	MCW0069	26	GCACTCGAGAAAACCTCCTGCG	ATTGCTTCAGCAAGCATGGGAGGA	60	PET	Red
	MCW0014*	6	TATTGGCTCTAGGAACTGTC	GAAATGAAGGTAAGACTAGC	58	6-FAM	Blue
	MCW0067	10	GCACTACTGTGTGCTGCAGTTT	GAGATGTAGTTGCCACATTCCGAC	60	NED	Yellow
4	MCW0248	1	GTTGTTCAAAAAGAAGATGCATG	TTGCATTAACTGGGCACCTTC	60	VIC	Green
	MCW0222	3	GCAGTTACATTGAAATGATTCC	TTCTCAAAACACCTAGAAGAC	60	PET	Red
	MCW0034	2	TGCACGCACTTACATACTTAGAGA	TGTCCTTCCAATTACATTCATGGG	60	6-FAM	Blue
	MCW0206	2	ACATCTAGAATTGACTGTTTAC	CTTGACAGTGATGCATTAATG	60	NED	Yellow
5	MCW0098	4	GGCTGCTTTGTGCTCTTCTCG	CGATGGTCGTAATTCTCACGT	60	VIC	Green
	MCW0103*	3	AACTGCGTTGAGAGTGAATGC	TTTCCTAACTGGATGCTTCTG	62	PET	Red
	LEI0094	4	GATCTCACCAGTATGAGCTGC	TCTCACACTGTAACACAGTGC	60	6-FAM	Blue
	MCW0330	17	TGGACCTCATCAGTCTGACAG	AATGTTCTCATAGAGTTCCTGC	60	NED	Yellow
6	MCW0183	7	ATCCCAGTGTTCGAGTATCCGA	TGAGATTTACTGGAGCCTGCC	58	VIC	Green
	LEI0234	2	ATGCATCAGATTGGTATTCAA	CGTGGCTGTGAACAAATATG	60	PET	Red
	LEI0166	3	CTCCTGCCCTTAGCTACGCA	TATCCCCTGGCTGGGAGTTT	60	6-FAM	Blue

Tm : température d'hybridation. * : (FAO, 2011)

4.2.2. Préparation du mélange réactionnel

La PCR est réalisée en utilisant un Master Mix QIAGEN contenant les dNTPs, la Taq polymérase et le tampon de dilution. Les concentrations des différents composants sont optimisées par le fabricant afin de donner de bons résultats pour des fragments allant jusqu'à 1 Kb. On a réalisé ensuite un mix de PCR contenant 3 µl de multiplex (qui correspond aux amorces encadrant les régions du génome que l'on veut étudier) et 5 µl de Master Mix QIAGEN.

4.2.3. Amplification suivie d'électrophorèse capillaire par séquenceur

- **Premiers essais en 96 puits**

Avant de lancer l'analyse sur des plaques de 384 puits, nous avons réalisé un premier essai sur des plaques de 96 puits.

Les plans de quatre plaques de 96 puits sont préparés sur Excel. Chaque plaque porte 92 échantillons, 3 témoins positifs et un témoin négatif (eau).

Dans chaque puits, 2 µl d'ADN (soit en moyenne 20 ng) et 8µl du mix de PCR sont déposés. Les plaques étiquetées sont ensuite introduites dans les thermocycleur (*MJ Research PTC 200*) programmés pour les différentes étapes de la PCR (Tableau XII).

Tableau XII : Conditions d'amplification pour les quatre multiplex.

Etape		Conditions d'amplification
Dénaturation initiale		95°C - 15 min
30 cycles	Dénaturation	94°C - 30 sec
	Hybridation	60°C - 90 sec
	Elongation	72°C - 90 sec
Elongation finale		60°C - 30 min
Conservation		15°C - infini

Les produits de PCR sont dilués au $1/10^{\text{ème}}$. 2 μl de cette dilution est reprise dans 10 μl de mélange Formamide/standard de taille GeneScan 500 Liz (Applied Biosystem). L'ensemble est ensuite passé au four à 95°C pendant 3 minutes pour la dénaturation des fragments puis déposé sur le séquenceur Applied Biosystems 3730.

L'appareil est composé de 96 capillaires, d'un système d'électrophorèse, d'un laser et d'une caméra CCD (*Charge Couple Device*). Les capillaires, d'un diamètre d'environ 250 μm et de 36 cm de longueur, sont remplis avec un polymère qui sert de tamis moléculaire. Les fragments amplifiés sont injectés dans les capillaires. Ils seront séparés sous l'influence d'un champ électrique. La taille de ces fragments est déterminée par leur vitesse de migration dans les capillaires. Près de l'anode, un rayon laser traverse chaque capillaire afin d'exciter les molécules fluorescentes. Une caméra CCD recueille l'information émise par les molécules fluorescentes au fur et à mesure que celles-ci passent devant le rayon laser.

- **Optimisation en 384 puits**

Une fois les premiers essais validés en plaques de 96 puits, les analyses sont optimisées en plaques de 384 puits. Pour cela, 2 μl d'ADN des plaques 96 sont distribués dans une plaque de 384 (4 plaques 96 pour une plaque 384), à l'aide du robot Genesis Workstation 200 TECAN. Les plaques sont ensuite placées sur la paillasse toute la nuit pour évaporation afin d'obtenir des culots secs d'ADN.

Le lendemain, les mix de PCR (ceux préparés précédemment) sont préparés et installés dans un rack de distribution du robot. Le robot est ensuite programmé pour distribuer 5 μl de mix par puits.

Les plaques ainsi obtenues sont placées sur un thermocycleur : GeneAmp PCR system 9700 de chez Applied Biosystem. Le programme de PCR lancé est le même que celui utilisé pour les cycleurs 96.

La préparation des plaques pour le génotypage est effectuée à l'aide d'un automate Aquarius de TECAN. L'automate permettra alors la dilution au $1/10^{\text{ème}}$ des produits de PCR et l'intégration du mélange Formamide/Marqueur de taille (10 μl pour 2 μl de produit de PCR dilué). Enfin, les plaques sont chauffées à 95°C pendant 3 minutes et déposées dans le séquenceur.

4.2.4. Analyse des électrophorégrammes par le logiciel GeneMapper

L'analyse, des électrophorégrammes obtenus, est réalisée par le logiciel GeneMapper version 4.0 (Applied Biosystem) qui retranscrit les données enregistrées par le séquenceur en calculant la taille des fragments analysés en nombre de paires de bases (pb)

5. Analyses statistiques des données

Comme nous avons vu dans la partie bibliographique, plusieurs paramètres peuvent être estimés pour étudier la diversité génétique des populations. Ce type d'étude nécessite des outils informatiques et des traitements statistiques différents, la combinaison de différentes approches est nécessaire pour avoir des résultats fiables.

Les données brutes ont été soumises à des traitements statistiques permettant de calculer les fréquences alléliques aux loci polymorphes. C'est à partir de ces fréquences alléliques que les divers paramètres de la diversité génétique sont calculés par les différentes approches implantées dans les logiciels de génétique des populations.

Avant de commencer les analyses de la diversité génétique, les erreurs de génotypage, le polymorphisme des loci ont été vérifiés et corrigés. L'indépendance génotypique des loci et l'hypothèse d'équilibre de Hardy-Weinberg (HWE) ont été testées et la diversité génétique a été évaluée à deux niveaux, intra et inter populations. Par la suite, l'assignation d'un individu à une population a été réalisée par différentes approches. Enfin, la part de la diversité génétique due à la localisation géographique a été estimée par une analyse multivariable instrumentale (PCAiv pour "*Principal Component Analysis with respect to Instrumental Variables*").

5.1. Fiabilité des loci microsatellites

- **Détection des allèles nuls**

Les erreurs de génotypage peuvent affecter les données. Afin de déterminer si certains loci devaient être éliminés de l'analyse, le logiciel FreeNA (Chapuis et Estoup, 2007) a été utilisé pour l'estimation, pour chaque locus et échantillon, des fréquences d'allèles nuls (l'erreur la plus souvent rencontrée).

- **Taux de polymorphisme (PIC)**

Le taux de polymorphisme (PIC), met en évidence la capacité d'un marqueur à détecter un polymorphisme dans une population (Botstein *et al.*, 1980). Nous avons calculé ce paramètre par le logiciel Cervus version 3.0.3 (Marshall *et al.*, 1998).

- **Le déséquilibre de liaison**

Les loci sont dits en équilibre de liaison s'il y a indépendance statistique entre les allèles présents à chaque locus étudié, c'est-à-dire que le génotype à un locus ne dépend pas des génotypes aux autres loci.

Le déséquilibre de liaison génotypique entre chaque paire de loci a été testé par des tests exacts réalisés par le logiciel GENEPOP (Raymond & Rousset, 1995). La conformité des données attendues à celles observées est vérifiée par la comparaison des valeurs non biaisées de P à la valeur de α après correction séquentielle de Bonferroni (Annexe 8).

5.2. Analyse de la diversité génétique intra-populationnelle

Les paramètres standards mesurant la diversité génétique ont été estimés, pour chaque population et chaque locus. Les fréquences alléliques, le nombre total et le nombre moyen d'allèles par locus, l'hétérozygotie observée et attendue (H_o , H_e) ont été estimées avec le logiciel Genetix 4.05 (Belkhir *et al.*, 1996).

L'écart à la panmixie au sein des populations a été déterminée par les estimations des F_{IS} selon Weir et Cockerham (1984) en utilisant le logiciel GENEPOP (Raymond et Rousset, 1995). Les tests exacts d'excès et de déficit en hétérozygotie ont été réalisés pour toutes les populations et tous les marqueurs. La significativité des valeurs observées, par rapport à celles attendues, a été testée au seuil de 5 %, les valeurs non biaisées de P ont été comparées à α (0,05) corrigée selon la méthode séquentielle de Bonferroni (Annexe 8).

La richesse allélique (RA) a été estimée par le logiciel Fstat 2.9 (Goudet 2001) et le nombre moyen d'allèles efficaces (A_e) par le logiciel GenAlex 6.5 (Peakall et Smouse, 2012).

5.3. Analyse de la diversité génétique inter-populationnelle

Plusieurs approches ont permis une étude globale de la différenciation des populations étudiées. L'indice de différenciation génétique : le F_{ST} de Weir et Cockerham (1984), a été calculé sur les données globales ainsi qu'entre les populations prises deux à deux. Des tests de permutation ont alors permis de tester la significativité de cet indice avec le logiciel Arlequin.

La différenciation génétique entre les populations a été aussi étudiée par l'estimation des distances génétiques de Reynolds (Reynolds *et al.*, 1983) entre les paires de populations grâce au logiciel PHYLIP 3.69 (Felsenstein, 1989). Afin de visualiser les relations génétiques entre les populations, les distances estimées ont été utilisées pour construire un réseau phylogénétique en suivant la méthode du Plus Proche Voisin (Neighbour-Joining) de Saitou et Nei (1987), en utilisant le logiciel SplitsTree 4,8 (Bryant et Moulton, 2004).

Enfin, le niveau de différenciation des populations a été calculé à l'aide d'Analyses Hiérarchiques de Variance Moléculaire (AMOVA) réalisées par le logiciel ARLEQUIN (Excoffier *et al.*, 2005). Il s'agit d'une analyse de variance hiérarchique dont les données sont les distances génétiques entre individus et dont les hypothèses sont testées par des tests de permutation. Cette analyse requiert de spécifier des groupes d'individus et d'assigner chaque individu à une sous population au sein des groupes. L'AMOVA décompose la variance totale en 3 composantes :

- *Les variations intergroupes*
- *Les variations inter-populations à l'intérieur des groupes*
- *Les variations inter-individus à l'intérieur des populations*

Les groupes étant poules locales, poules sauvages, poules labels et poules commerciales.

5.4. Assignation des individus à des populations génétiques et clustering

Afin d'établir les ressemblances et représenter les regroupements éventuelles des individus dans leurs populations présumées, un arbre individuel a été établi en utilisant la distance des allèles partagés ou "DAS Shared Alleles Distance" (Chakraborty and Jin 1993), obtenue par la méthode Neighbour-Joining, à l'aide du logiciel R 2.14.2.

L'affectation des individus aux différentes populations a été étudiée à l'aide du logiciel GENECLASS2 (Piry *et al.*, 2004). Cette méthode consiste à affecter un individu à la population au sein de laquelle le génotype multilocus observé chez cet individu présente la plus forte probabilité. Cette probabilité est estimée par simulation de 10000 génotypes multilocus, à partir des fréquences alléliques calculées au sein de chaque population. Pour ne pas biaiser le calcul, la procédure «leave-one out» a été appliquée, celle-ci consiste à ne pas inclure l'individu dont on vérifie l'affectation dans le calcul des fréquences alléliques de la population dont il est issu. L'individu est alors affecté à la population présentant la plus forte probabilité pour ce génotype multilocus.

Les approches de différenciation génétique citées ci-dessus, notamment les F-statistiques, l'AMOVA et même l'affectation des individus par GENECLASS 2, s'appuient sur la définition préalable de groupes naturels d'individus appartenant à la même population. La délimitation de ces populations n'est pas forcément reflétée dans la proximité géographique des individus puisque des individus proches géographiquement peuvent correspondre à des populations génétiques différentes et une même population génétique peut être représentée par des individus à répartition géographique très large. Afin de travailler sans a priori, une approche multilocus bayésienne a été utilisée pour déterminer le nombre le plus probable (K) de populations génétiquement différenciées dans l'échantillonnage étudié et la probabilité (q) d'assignation de chaque individu à chacune des K populations sur la base de 22 loci microsatellites. Elle a été appliquée par le logiciel Structure 2.2 (Pritchard *et al.*, 2000) sous les modèles de mixité ou "admixture" et de fréquences alléliques corrélées. Cette approche permet de ranger les individus, sans prendre en compte leur origine, dans un nombre prédéfini de clusters, afin de détecter une éventuelle structuration des populations. Chaque analyse a consisté en une « phase d'allumage » (Burn-in period) de 10000 chaînes de Markov Monte Carlo (MCMC) et une phase stationnaire de 100000 MCMC. Les estimations du log-likelihood, c'est-à-dire la probabilité logarithmique des données, pour chaque K, $L(K)$, ont été calculées pour des valeurs de K allant de 2 à 15 avec 100 répétitions pour chacune afin de tester la reproductibilité des résultats. La meilleure estimation de K est la valeur de K maximale avant le plateau de la courbe représentant $L(K)$ en fonction de K (Pritchard *et al.*, 2000).

5.5. Analyses statistiques multivariées

Les analyses statistiques multivariées se sont révélées efficaces pour l'obtention d'informations à partir de marqueurs génétiques (Jombart *et al.*, 2009), dont l'intérêt principal est de trouver des relations entre des objets (des populations). Dans ce cas, les données (les individus) sont considérées comme un nuage de **n** points intégrés dans un espace de **p** dimension, où chaque dimension est définie par un allèle (Jombart *et al.*, 2009). Dans notre étude, nous avons réalisé, à l'aide du logiciel de R 2.14.2, deux d'analyses multivariées : l'ACP (Analyse en composante principale) et la PCAiv (*Principal Component Analysis with respect to Instrumental Variables*).

L'ACP regroupe les individus selon des données proportionnelles basées sur les fréquences des allèles. Nous avons normalisé ces dernière par la fonction $\sqrt{p(1-p)}$, sachant que la différenciation estimée à partir des fréquences alléliques normalisées par $\sqrt{p(1-p)}$ est exactement le F_{ST} classique (Jombart *et al.*, 2009).

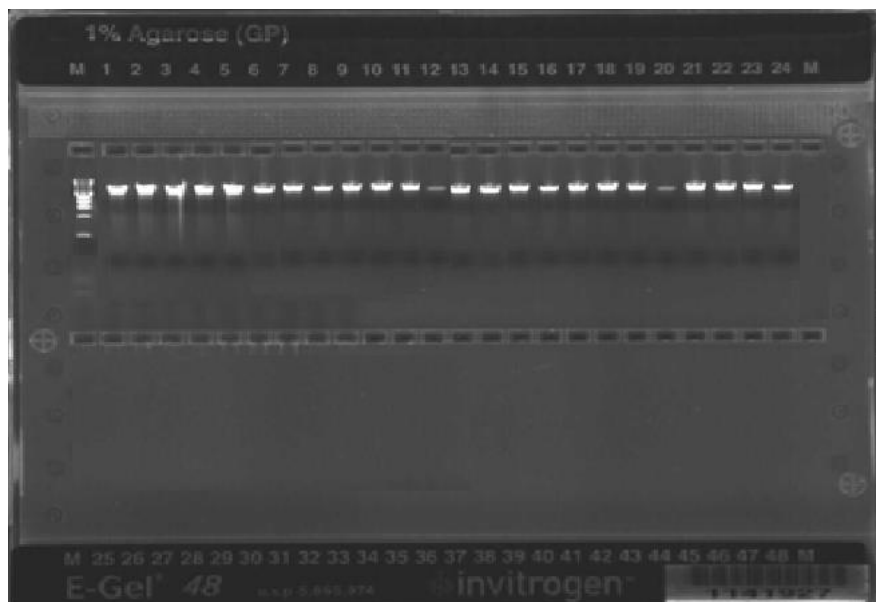
La PCAiv, ou l'analyse de redondance, a été utilisée pour déterminer la proportion de la variation chez les poulets locaux algériens due à l'origine géographique. C'est une approche supervisée, généralement utilisée pour savoir quelle proportion de la variation d'un ensemble de variables de "réponse" (ici les génotypes des individus pour 23 microsatellites) est attribuable à un ensemble de variables «explicatives» (dans notre cas, variables géographiques). Donc, pour effectuer la PCAiv, nous avons utilisé deux tableaux. Le premier est celui des fréquences alléliques et le second comporte les données de trois facteurs géographiques (altitude, latitude et longitude), enregistrés grâce à un système d'information géographique et pris comme variables instrumentales.

III. Résultats et discussion

1. Qualité des ADN extraits

La qualité des ADN extraits a été testée par électrophorèse sur gel d'agarose (1 %) ce qui a permis de s'assurer que la molécule d'ADN est présente (bande fluorescente sur le gel sous U.V.) (Figure 27). Les ADN se sont révélés de bonne qualité. Aucun signe de dégradation (*smire*) n'a été observé. Après le dosage, le rapport DO260/DO280 a été calculé. Pour tous les échantillons, ce rapport est au voisinage de l'intervalle [1,8 - 2], ce qui indique une bonne pureté de l'ADN. La concentration des ADN extraits varie entre 502,6 ng/ μ l et 982,2 ng/ μ l.

Nous constatons que l'utilisation du Kit « Qiamp DNA Mini Kit (Qiagen®)» pour l'extraction de l'ADN à partir du sang total de poulets, a donné des résultats satisfaisants concernant la qualité des ADN extraits, par rapport à leur qualité en utilisant la méthode d'extraction au NaCl (Mahammi et Maldji, 2009). De plus, ce Kit nous a permis d'extraire l'ADN même à partir de très faible volume initial d'échantillons sanguins. Cette technique d'extraction est aussi très rapide (12 ADN extraits pendant environ une heure), contrairement à la technique de Miller qui nécessite 48h. L'inconvénient principal de la technique d'extraction par le kit Qiagen est qu'elle est environ 10 fois plus coûteuse qu'une extraction au NaCl.



M : marqueur de taille
1 à 24 : ADN extraits

Figure 27 : Résultat de l'électrophorèse sur gel d'agarose (1 %) pour quelques ADN extraits.

2. Résultats du génotypage par séquenceur automatique

L'analyse des électrophorégrammes obtenus par l'électrophorèse capillaire a été réalisée par le logiciel GeneMapper version 4.0 (*Applied Biosystems*). L'attribution de la taille moléculaire réelle des allèles a demandé, parfois, une intervention manuelle sur les résultats déterminés automatiquement par l'algorithme du logiciel, à cause de l'apparition de certains pics parasites. Trois individus soupçonnés contaminés ont été éliminés (après une ré-analyse de confirmation).

Les données de génotypages sont représentées sous forme d'une matrice avec, en colonne, les marqueurs et, en ligne, les individus. Chaque marqueur est représenté par deux formes alléliques possédant une taille propre en paire de bases (pb). Enfin, la matrice est nettoyée par l'élimination des individus qui ont présenté un nombre élevé de données manquantes (au total 4 individus). Ainsi la matrice finale a comporté les génotypes de 233 poules locales pour les 23 marqueurs microsatellites. Les génotypes des poules des populations de références (pour les mêmes marqueurs) ont été par la suite rajoutés à cette matrice.

3. Analyse de la diversité génétique

3.1. Fiabilité des loci microsatellites

3.1.1. Détection des allèles nuls

Les fréquences d'allèles nuls (r) détectées dans cette étude sont minimales. En fait, r est inférieur à 0,20 pour 99 % des combinaisons locus \times population et seulement trois combinaisons parmi les 293 présentent une fréquence d'allèle nul comprise entre 0,20 et 0,29. Généralement, les fréquences d'allèles nuls inférieures à 0,4 sont considérées acceptables dans la plupart des séries de données de microsatellites (Dakin and Avise, 2004). Donc, nous avons conservé tous les loci pour les analyses de la diversité et la structure génétique des populations de notre étude.

3.1.2. Déséquilibre de liaison

L'équilibre de liaison entre les loci témoigne l'indépendance de l'information apportée par chacun (Salah, 2008). Or dans la présente étude, le test de déséquilibre de liaison, pour chaque paire de locus dans l'ensemble des populations, met en évidence deux cas de déséquilibres d'association (P inférieure à $\alpha = 0,05$) :

- ADL0112 avec MCW0111 et
- MCW0081 avec MCW0069

En absence de liaison physique entre ces microsatellites, ce résultat peut être expliqué par un déséquilibre fonctionnel spécifique à l'espèce (Gaouar, 2009).

Le test au niveau de chaque population a montré que l'écotype LT présente le plus de loci en déséquilibre d'association (P inférieur à $\alpha = 0,05$) avec 10 cas, suivie par la population GGG avec 6 cas, les deux écotypes HP et PI avec 3 cas chacun et les deux populations GGS et Lab-D par un cas chacune. Généralement, ces déséquilibres d'associations peuvent être expliqués par : des relations fonctionnelles spécifiques de l'environnement ; un comportement social différent d'une race à une autre ou une consanguinité élevée (Gaouar, 2009).

3.1.3. Polymorphisme des marqueurs microsatellites

Les paramètres de la variabilité des loci étudiés sont présentés dans le tableau XIII. Un total de 236 allèles est obtenu pour les 23 microsatellites. Cependant, les marqueurs MCW0103 et MCW0014 n'ont pas été génotypés respectivement, dans les populations des poules sauvages (GGG et GGS) et dans la population des poules label Lab-B. Ainsi, seulement 21 parmi les 23 marqueurs ont été utilisés dans l'analyse de la diversité génétique inter-population. Par contre, l'ensemble des marqueurs a été utilisés dans l'analyse de la diversité génétique de la population de poules locales algériennes.

Ces 236 allèles obtenus correspondent à un nombre moyen de 10,26 allèles par marqueur. Le nombre d'allèles observés à un locus est une indication de sa variabilité génétique. Ainsi, selon Barker (1994) ce nombre doit être supérieur à 4 pour réduire l'erreur standard dans l'estimation des distances génétiques. Parmi les 23 marqueurs microsatellites utilisés dans la présente étude, seulement deux ont moins de quatre allèles : MCW0103 (2 allèles) et MCW0098 (3 allèles). Les autres marqueurs microsatellites présentent de 4 allèles (LEI0166) à 32 allèles (LEI0234). Le nombre d'allèles efficaces (A_e) varie entre 0,84 (MCW0103) et 4,43 (LEI0234), avec une moyenne générale de 2,33.

Le PIC est un indice idéal pour mesurer le polymorphisme des marqueurs. Selon Botstein et al. (1980), un PIC supérieur à 0,50 indique un locus très informatif, un PIC compris entre 0,50 et 0,25 indique un locus moyennement informatif, et un PIC inférieur à 0,25 indique un locus peu informatif. Quatre marqueurs parmi les 23 étudiés (MCW0014, MCW0098, MWC0103 et MCW0248) ont été raisonnablement informatif ($0,31 < \text{PIC} < 0,37$). Les autres

marqueurs ont été très informatifs, avec la plus grande valeur 0,91 pour le marqueur LEI0234, ce qui est en accord avec le nombre important d'allèles observé pour ce locus.

Ces résultats confirment que l'ensemble des marqueurs microsatellites étudiés est efficace pour l'estimation de la diversité génétique dans les populations de poule. Sachant que l'utilisation d'un mélange de microsatellites très variables et moins variables devrait réduire le risque de la surestimation de la variabilité génétique (Wimmers et al., 2000). En plus, l'utilisation de microsatellites ayant un très grand nombre d'allèles, risque de biaiser les résultats de l'analyse de certains paramètres de la diversité génétique (sous-estimation des génotypes), surtout si les effectifs par échantillon sont faibles.

Les F-statistiques de Wright (1967) F_{IS} , F_{ST} et F_{IT} ont été estimés pour chaque locus dans l'ensemble des populations étudiées. Le déficit d'hétérozygotie à l'intérieur des populations (F_{IS}), varie entre -0,025 pour MCW0098 et 0,224 pour MCW0014 avec une moyenne totale de 0,058 pour l'ensemble des loci. Seulement deux marqueurs MCW0081 et MCW0098 ont présenté des valeurs de F_{IS} négatives, cela signifie que, dans l'ensemble des populations, il y a eu plus d'hétérozygotes que prévu pour ces marqueurs. Le déficit global en hétérozygotes dans les populations est traduit par F_{IT} variant de 0,069 pour MCW0098 à 0,41 pour MCW0014, la valeur moyenne est de 0.263. La moyenne de l'indice de fixation de chaque population (F_{ST}) est de 0,218, variant de 0,092 pour ADL0098 à 0,353 pour MCW0014.

Tableau XIII : Paramètres de la variabilité des 23 marqueurs microsatellites.

Locus	NTA	NMA	Ae	PIC	F _{IS}	F _{IT}	F _{ST}
ADL0112	6	3,462	2,295	0,555	0,061	0,167	0,113
ADL0268	7	3,846	2,772	0,721	0,064	0,186	0,131
ADL0278	9	4,308	2,601	0,719	0,026	0,219	0,199
LEI0094	24	6,462	3,145	0,81	0,038	0,247	0,22
LEI0166	4	2,462	1,863	0,553	0,075	0,304	0,25
LEI0234	32	8,308	4,431	0,912	0,218	0,362	0,187
MCW0014*	10	2,846	1,606	0,366	0,244	0,51	0,353
MCW0034	18	5,846	3,435	0,863	0,021	0,205	0,189
MCW0037	9	4,538	2,832	0,651	0,062	0,161	0,107
MCW0067	7	3,231	2,028	0,602	0,031	0,279	0,257
MCW0069	13	4,692	2,537	0,602	0,056	0,168	0,121
MCW0078	6	2,923	1,900	0,582	0,126	0,377	0,292
MCW0081	9	3,769	2,091	0,58	-0,003	0,201	0,207
MCW0098	3	1,923	1,651	0,355	-0,025	0,069	0,092
MCW0103*	2	1,000	0,836	0,314	0,074	0,17	0,108
MCW0111	7	3,154	2,047	0,627	0,063	0,302	0,257
MCW0183	18	5,000	2,195	0,686	0,046	0,276	0,245
MCW0206	15	4,462	2,719	0,703	0,039	0,194	0,161
MCW0216	10	4,154	2,158	0,666	0,035	0,316	0,292
MCW0222	5	2,923	1,748	0,51	0,081	0,247	0,181
MCW0248	5	2,692	1,637	0,319	0,102	0,198	0,109
MCW0295	10	4,231	2,349	0,65	0,04	0,193	0,159
MCW0330	7	3,692	2,614	0,65	0,071	0,241	0,184
Mean (SD)	236	10,26 (7,10)	2,33 (0,54)	0,61 (0,19)	0,058 (0,012)	0,261 (0,017)	0,216 (0,014)

NTA : nombre total d'allèles ; *NMA* : nombre moyen d'allèles ; *Ae* : nombre d'allèles efficaces ; *PIC* : taux de polymorphisme ; *F_{IS}*, *F_{IT}* et *F_{ST}* : *F*-statistiques de Wright.

*MCW0014** : génotypé chez toutes les populations à l'exception de Lab-B.

*MCW0103** : génotypé seulement chez les écotypes algériens et les lignées Labels.

3.2. Diversité intra populationnelle

3.2.1. Diversité allélique

Les paramètres de la diversité génétique au sein des populations sont présentés dans le tableau XIV. La population algérienne présente 184 allèles avec une moyenne de 8,09 allèles par locus pour les 23 loci. Le nombre moyen d'allèles par locus (N_a) est plus élevé dans les écotypes algériens, suivie par les populations sauvages ensuite par les populations commerciales. Cela indique un niveau élevé de variabilité génétique au sein de la population de poules locales algérienne par rapport aux autres populations de référence. Il est aussi plus élevé que celui estimé dans quelques populations de poulets indigènes africains, par exemple, la population égyptienne (Eltanany *et al.*, 2011), ghanéenne (Osei-Amponsah *et al.*, 2010) et soudanaise (Berima *et al.*, 2013), ainsi que pour celui estimé chez la population japonaise (Tadano *et al.*, 2007), vietnamienne (Cuc *et al.*, 2010) et turc (Kaya et Yıldız, 2008). Par contre, il est inférieur aux valeurs trouvées pour les écotypes de poulet zimbabwéens (Muchadeyi *et al.*, 2007).

Le nombre d'allèles observé dépend fortement de la taille des échantillons (Andru, 2012). Ainsi, la richesse allélique a été calculée avec le logiciel FSTAT (Goudet, 2001) qui pondère le nombre d'allèles par rapport à la taille de l'échantillon et limite le biais dû à l'échantillonnage. Les écotypes algériens présentent les plus grandes valeurs de richesse allélique (RA), par rapport aux populations de référence, avec une moyenne de 5,19 et elle varie de 5,15 pour l'écotype PI à 5,23 pour l'écotype LT. La richesse allélique est de 4,38 et 4,65 respectivement pour les deux populations sauvages GGG et GGS, et elle varie de 2,02 à 3,87 pour les populations commerciales.

Le nombre d'allèles efficaces (A_e) pour la population algérienne est de 3,14. Il varie de 2,87 pour l'écotype LT à 3,20 pour l'écotype PI. Les populations sauvages présentent un nombre d'allèles efficaces comparable à celui trouvé chez les écotypes algériens : 3,18 pour GGG et 2,95 pour GGS. Mais pour les populations commerciales ce paramètre est plus faible, il varie de 1,14 pour Lab-A à 2,49 pour Lab-D. Ces résultats reflètent l'intensité de la sélection qui est plus importante au niveau des populations industrielles (pression économique) par rapport à la population locale qui ne subit pas la même pression sélective.

Tableau XIV : Paramètres de la diversité allélique pour les écotypes algériens et pour les populations de référence.

Population	NTA	Na	Ae	RA
LT	162	7,13±0,97	3,20±0,37	5,23
PI	142	6,26±0,72	2,87±0,26	5,15
HP	150	6,61±0,87	3,02±0,35	5,17
ALG ¹	184	8,09±1,20	3,14±0,36	5,19
GGG ²	106	4,82±0,46	3,18±0,33	4,65
GGS ²	100	4,54±0,39	2,95±0,26	4,38
BEL ²	65	2,95±0,29	1,83±0,17	2,81
WEL ²	47	2,14±0,18	1,47±0,12	2,04
Br-f ²	69	3,14±0,30	2,07±0,19	2,96
Br-m ²	68	3,09±0,23	2,04±0,16	2,92
Lab-A	47	2,18±0,23	1,14±0,12	2,02
Lab-B ³	46	3,00±0,19	2,02±0,12	2,95
Lab-C	67	2,09±0,17	1,66±0,11	2,08
Lab-D	87	3,87±0,42	2,49±0,25	3,87

NTA : nombre total d'allèles ; **Na** : nombre moyen d'allèles par locus ; **Ae** : nombre d'allèles efficaces ; **RA** : richesse allélique.

¹ : paramètres calculés chez l'ensemble de la population de poules locales algérienne

² : paramètres calculés avec tous les marqueurs à l'exception de MCW0103.

³ : paramètres calculés avec tous les marqueurs à l'exception de MCW0014.

Les allèles privés sont une source de diversité génétique (Petit *et al.*, 1998). Un total de 35 allèles privés a été observé pour l'ensemble des populations étudiées (Tableau XV), dont 11 sont spécifiques aux écotypes algériens : 2 allèles pour l'écotype HL, 3 allèles pour l'écotype LT et 6 allèles pour l'écotype PI, avec une fréquence maximale de 3%. Ces faibles fréquences indiquent une faible contribution de ces allèles à la variation génétique. Par ailleurs l'existence de nombreux allèles privés dans une population démontre son originalité (Fotsa, 2008).

Toutes les populations de référence, à l'exception de WEL et Br-m, présentent au moins un allèle privé. Les deux populations sauvages ont le plus grand nombre d'allèles privés : 11 pour GGG et 6 pour GGS. Parmi les 35 allèles privés observés, seulement 10 allèles ont une fréquence supérieure à 10%. La fréquence la plus élevée pour un allèle privé est de 0,91 chez la population Lab-B : allèle 151 pour MCW0206. La présence de cet allèle avec une telle fréquence au niveau d'une population industrielle peut être le reflet d'une position intéressante sur le plan sélectif et cartographique. Ce microsatellite se trouve probablement localisé, ou avoir une liaison fonctionnelle avec un gène d'intérêt économique.

Tableau XV : Allèles privés pour chaque locus et chaque population.

locus	LT	PI	HP	GGG	GGs	BEL	Br-f	Lab-A	Lab-B	Lab-C	Lab-D	Total
ADL0112							119 (0,02)					1
ADL0268						115(0,02) 121(0,02)						2
ADL0278					113 (0,16)							1
LEI0094		284 (0,01)		275 (0,18)	265 (0,09)							3
LEI0166	259 (0,01)											1
LEI0234		268 (0,03) 374 (0,01)	378 (0,02)		288 (0,25)					346 (0,09)		5
MCW0014				167 (0,03)	159 (0,19)				absent			2
MCW0034	213 (0,03) 246 (0,01)			228 (0,07)								3
MCW0067								172 (0,02)				1
MCW0069				170 (0,03)								1
MCW0078		144 (0,01)										1
MCW0111				107 (0,04)								1
MCW0183		302 (0,01)	298 (0,01)		313 (0,06)							3
MCW0206				238 (0,13) 239 (0,13) 244 (0,13)	218 (0,19)							4
MCW0216									151 (0,91)		153 (0,05)	2
MCW0222		211 (0,01)										1
MCW0295				91 (0,37) 89 (0,06) 99 (0,03)								3
Total	3	6	2	11	6	2	1	1	1	1	1	35

En gras : fréquence > 0,1

3.2.2. L'hétérozygotie observée et attendue

A propos des valeurs d'hétérozygotie (Tableau XVI) dans la population algérienne, l'hétérozygotie attendue (H_e) est de 0,609. Elle varie de 0,590 pour l'écotype PI à 0,617 pour l'écotype LT. L'hétérozygotie observée (H_o) était de 0,557 et elle varie de 0,548 pour l'écotype HP à 0,571 pour l'écotype PI. Ces résultats indiquent un niveau de diversité considérable qui est cohérent avec la grande variabilité observée sur le plan phénotypique. L'hétérozygotie attendue chez la population algérienne se situe dans l'intervalle des estimations obtenues chez des populations de poules locales africaines et asiatiques (Zhang *et al.*, 2002; Muchadeyi *et al.*, 2007; Cuc *et al.*, 2010; Osei-Amponsah *et al.*, 2010; Esfahani *et al.*, 2012; Leroy *et al.*, 2012; Berima *et al.*, 2013). Cette diversité importante peut être due soit à une introduction massive des poulets originaires des premiers foyers de domestication et / ou un ancien mélange dû à l'introduction de multiples populations.

La grande diversité observée dans les écotypes algériens est compatible avec leur type d'élevage aléatoire. L'absence de sélection organisée pour un type de production donné et la migration non contrôlée d'oiseaux entre les troupeaux, provoque un flux de gènes continu entre les écotypes. Le même constat a été enregistré pour d'autres populations de poulets locaux en Afrique (Muchadeyi *et al.*, 2007; Leroy *et al.*, 2012).

Les populations sauvages (GGG et GGS) présentent des valeurs d'hétérozygotie plus élevées. Cependant, des faibles niveaux d'hétérozygotie ont été observés dans les populations commerciales. L'hétérozygotie des lignées de poulets de chair Lab-B et Lab-D est plus élevée que celle des autres lignés labels. Les valeurs d'hétérozygotie les plus faibles sont observées chez les lignées WEL et Lab-A, qui est une lignée femelle sélectionnée pour le caractère nombre d'œufs/an. Ces différences de variabilité génétique entre les lignées commerciales peuvent refléter des différences dans la taille de la population de base (à l'origine de sa création) selon la lignée.

Tableau XVI : hétérozygoties attendue et observée, coefficient de consanguinité et nombre de loci en déviation par rapport à l'EHW, pour les écotypes algériens et les populations de référence.

Population	He ± SD	Ho± SD	F _{IS}	dEHW
LT	0,617±0,166	0,551±0,167	0,110	3
PI	0,590±0,169	0,571±0,174	0,042	2
HP	0,596±0,166	0,548±0,168	0,088	5
<i>Moyenne</i>	0,609±0,034	0,557±0,033	0,080	
GGG*	0,635±0,203	0,687±0,291	-0,046	1
GGs*	0,624±0,199	0,601±0,265	0,070	1
BEL*	0,397±0,268	0,359±0,232	0,115	1
WEL*	0,291±0,259	0,295±0,214	0,008	0
Br-f*	0,472±0,235	0,484±0,228	-0,003	0
Br-m*	0,489±0,204	0,511±0,211	-0,025	0
Lab-A	0,248±0,285	0,244±0,244	0,036	0
Lab-B**	0,458±0,180	0,506±0,222	-0,084	0
Lab-C	0,338±0,211	0,350±0,234	-0,014	0
Lab-D	0,523±0,193	0,513±0,223	0,045	2

He : hétérozygotie attendue ; **Ho** : hétérozygotie observée ; **F_{IS}** : indice de consanguinité ; **dEHW** : nombre de locus en déviation par rapport à l'EHW.

Nous constatons que l'hétérozygotie observée est inférieure à l'hétérozygotie attendue pour la population algérienne totale et pour chaque écotype. Comme conséquence, les valeurs obtenues de F_{IS}, coefficient de consanguinité, sont toutes positives, variant de 0,088 pour l'écotype HP à 0,110 pour l'écotype LT avec une moyenne de 0,08. Le même constat est observé pour les populations de référence GGS, BEL, WEL, Lab-A et Lab-B (Tableau XVI).

Ainsi, les tests exacts de déviation par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg (dEHW) réalisés en utilisant le logiciel GENEPOP (Raymond et Rousset, 1995), ont montré que le déficit en hétérozygotes était significatif dans 15 parmi les 292 combinaisons locus-population ($p < \alpha$, après correction séquentielle de Bonferroni). Les loci concernés par ce déficit sont MCW0014, LEI0234, MCW0330, MCW0078, ADL0278 et ADL0268. La plupart des écarts (10 sur les 15) ont été observés dans les écotypes algériens (Tableau XVI).

Plusieurs facteurs peuvent contribuer à une hétérozygotie plus faible que prévue et donc un déficit en hétérozygotie dans une population, dont le plus répondu est la consanguinité. En cas de consanguinité, le déficit aurait une incidence sur l'ensemble des loci (Hoda et Marsan, 2012). Or, dans les écotypes algériens, seulement 6 des 23 loci utilisés ont montré un déficit en

hétérozygotes. Ces déficits ne sont généralement pas concomitants entre marqueurs, ce qui serait attendu en cas de consanguinité avérée. La présence d'allèles nuls est un autre facteur qui peut également causer un déficit d'hétérozygotes dans la population. Dans la présente étude, le test de présence d'allèles nuls chez les poulets algériens n'était pas concluant. L'explication la plus probable de ce déficit est la présence d'une fragmentation de la population dans les écotypes ce qui peut conduire à un effet de Wahlund (1928). Ce dernier consiste au fait que deux populations, échangeant peu de gènes et ayant leur fréquence allélique propre, se comportent comme une seule et même population, conduit à observer un déficit en hétérozygotes vis-à-vis de l'EHW.

3.3. Diversité inter populationnelle

Les valeurs de F_{ST} ont été estimées pour chaque paire de populations (tableau XVII). Elles sont comprises entre 0,006 et 0,627. La plus grande valeur de F_{ST} (0,627) a été observée entre les deux lignées commerciales WEL et Lab-A. Dans la population algérienne, les écotypes PI et HP n'ont pas montré de différenciation significative entre eux ($p > 0,5$). Par contre, l'écotype LT montre une différenciation génétique très faible mais significative ($p < 0,001$) avec l'écotype PI ($F_{ST} = 0,007$) et l'écotype HP ($F_{ST} = 0,009$).

Ces résultats sont confirmés par les distances génétiques de Reynolds (Reynolds et al., 1983). Ces dernières varient de 0,122 à 0,785 dans la population globale (Tableau XVII). Dans la population algérienne, les écotypes ont présenté de faibles et quasi identiques distances de 0,122 à 0,124 et traduisant ainsi une faible diversité entre ces écotypes. La distance génétique la plus longue (0,785) a été observée entre les deux lignées commerciales WEL et Lab-A. Les valeurs relativement élevées des F_{ST} et des distances génétiques entre les deux populations commerciales indiquent un niveau de divergence élevé. Cela est attendu car ces populations sont le résultat de croisements entre différentes races fondatrices, sélectionnées pour différents traits de production et gérées par un système d'élevage fermé (Delany, 2003). Cependant, la faible différenciation génétique entre les écotypes locaux est certainement due au système d'élevage caractérisé par un mode de reproduction et des mouvements non contrôlés des oiseaux d'une région à une autre favorisant ainsi un flux génique permanent, et donc une homogénéisation génétique.

Tableau XVII : Distances de Reynolds (au-dessus de la diagonale) et valeurs de F_{ST} (au-dessous de la diagonale) entre paire de population avec 21 marqueurs microsatellites¹.

Populations	LT	PI	HP	GGG	GGS	BEL	WEL	Br-f	Br-m	Lab-A	Lab-B	Lab-C	Lab-D
LT		0,122	0,124	0,425	0,402	0,519	0,524	0,470	0,367	0,587	0,537	0,411	0,341
PI	0,007*		0,122	0,433	0,430	0,534	0,541	0,480	0,380	0,597	0,561	0,424	0,358
HP	0,009*	0,006		0,430	0,421	0,543	0,527	0,481	0,372	0,597	0,552	0,435	0,373
GGG	0,170*	0,178*	0,174*		0,341	0,570	0,636	0,506	0,491	0,610	0,598	0,521	0,487
GGS	0,149*	0,172*	0,163*	0,088*		0,535	0,619	0,512	0,469	0,618	0,599	0,520	0,497
BEL	0,238*	0,267*	0,269*	0,325*	0,282*		0,724	0,578	0,621	0,718	0,719	0,603	0,585
WEL	0,230*	0,266*	0,243*	0,421*	0,393*	0,523*		0,678	0,654	0,785	0,721	0,627	0,654
Br-f	0,201*	0,216*	0,214*	0,250*	0,254*	0,329*	0,458*		0,519	0,642	0,627	0,552	0,477
Br-m	0,117*	0,130*	0,122*	0,233*	0,210*	0,379*	0,424*	0,263*		0,667	0,649	0,504	0,419
Lab-A	0,286*	0,320*	0,311*	0,388*	0,395*	0,507*	0,627*	0,414*	0,448*		0,727	0,688	0,617
Lab-B	0,245*	0,284*	0,268*	0,364*	0,366*	0,516*	0,523*	0,390*	0,419*	0,526*		0,643	0,604
Lab-C	0,146*	0,161*	0,168*	0,262*	0,261*	0,357*	0,393*	0,295*	0,242*	0,470*	0,403*		0,431
Lab-D	0,097*	0,110*	0,120*	0,213*	0,220*	0,328*	0,423*	0,205*	0,147*	0,377*	0,355*	0,167*	

¹: les deux marqueurs MCW0014 (non-génotypé chez la population Lab-B) et MCW0103 (non-génotypé chez GGG, GGS, BEL, WEL, Br-f et Br-m) ont été exclus de cette analyse.

*: valeur significative avec $P < 0.001$.

Les distances génétiques de Reynolds ont été utilisées pour construire un arbre et un réseau phylogénétique, de type Neighbor Joining (Figure 28).

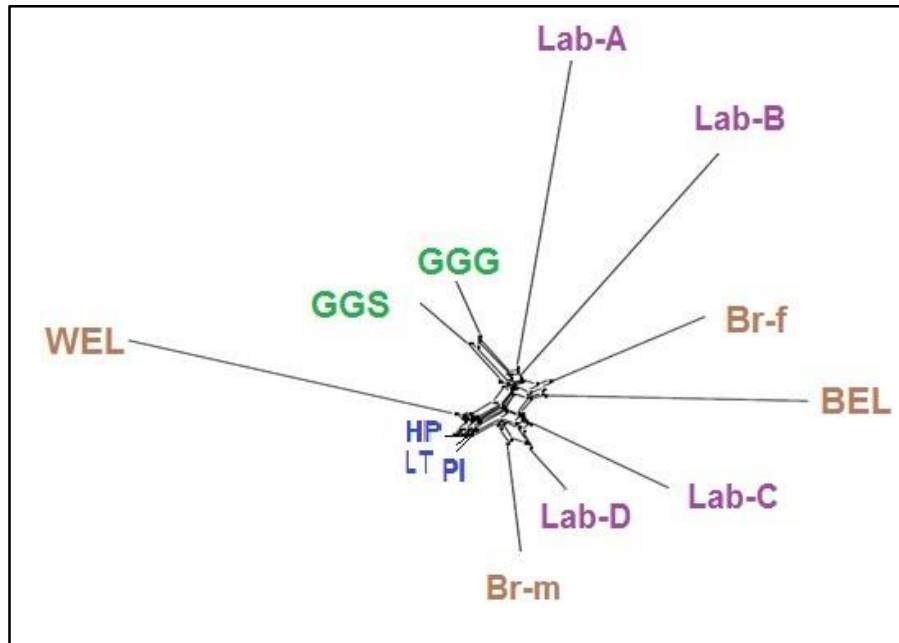


Figure 28 : Réseau phylogénétique montrant la relation entre les populations étudiées avec 21 marqueurs microsatellites¹.

Le réseau est construit sur la base des distances génétiques de Reynolds calculées entre paire de population, en utilisant l'algorithme Neighbour-Net implanté dans le logiciel SplitsTree 4. LT, PI et HP (Bleu) : les écotypes locaux ; GGG et GGS (vert) : les populations sauvages ; Br-m, Br-f, BEL, WEL (marron) : les lignées commerciales hautement sélectionnées ; Lab-A, Lab-B, Lab-C et Lab-D (violet) : les lignées labels.

¹: les deux marqueurs MCW0014 (non-génotypé chez la population Lab-B) et MCW0103 (non-génotypé chez GGG, GGS, BEL, WEL, Br-f et Br-m) ont été exclus de cette analyse.

La figure montre l'existence de cinq groupes. Un premier groupe compact, représenté par les écotypes algériens (LT, PI, HP). Cela confirme les résultats obtenus par le calcul des F_{ST} et celui des distances génétiques. Un deuxième groupe moins compact, représente les races de poules sauvages (GGG et GGS). Les autres groupes plus dispersés représentent les lignées de poules commerciales : un groupe avec les lignées Br-m, Lab-D et Lab-C ; un groupe avec les lignées BEL et Br-f ; un dernier groupe avec les lignées Lab-A et Lab-B. Enfin, la lignée WEL se comporte comme un out groupe et doit de ce fait avoir une histoire évolutive et une origine différente.

L'analyse en composantes principales : l'ACP (Figure 29), qui a été réalisée par le logiciel R à partir des fréquences normalisées par la formule $\sqrt{p(1-p)}$, est en quelque sorte la représentation graphique des résultats des F_{ST} par paire de populations. Elle a montré que les trois écotypes algériens (LT, PI et HP) sont regroupés, ce qui témoigne un niveau élevé de mélange. Cette analyse a aussi montré que les races les plus proches aux écotypes algériens étaient les trois lignées labels, Lab-C, Lab-D et Lab-B ainsi que la race de chair-mâle (Br-m). Comme attendu, les poules sauvages de la jungle (GGG et GGS) apparaissent très diversifiées par rapport aux populations de poules algériennes et commerciales.

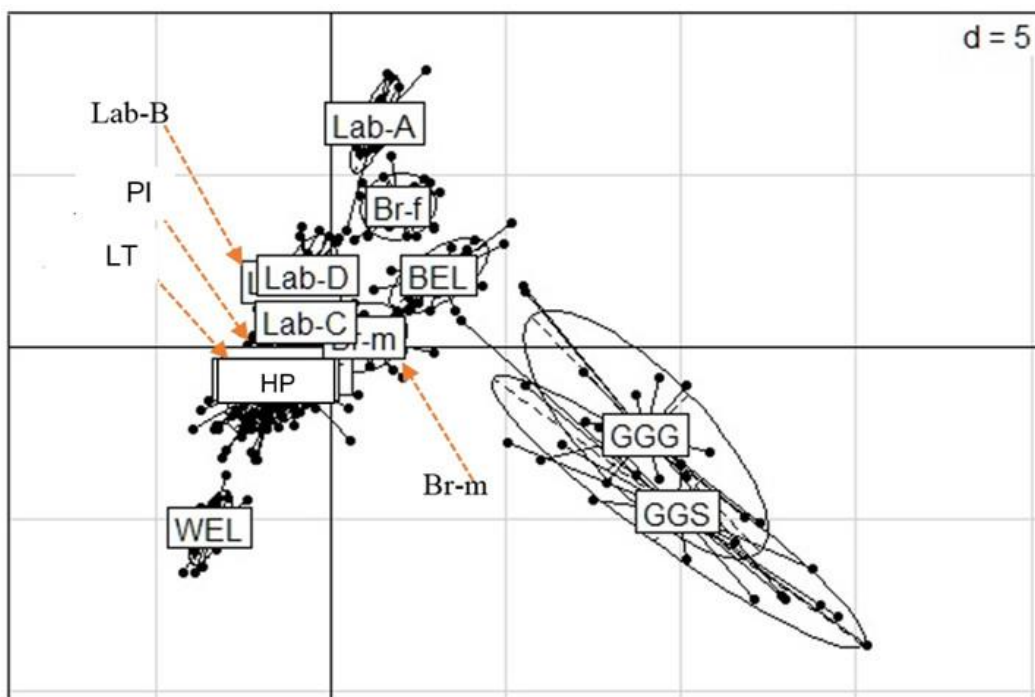


Figure 29 : Représentation de la distribution des trois écotypes algériens et des populations de références par l'analyse en composantes principales (ACP) avec 21 marqueurs microsatellites¹.

¹: les deux marqueurs MCW0014 (non-génotypé chez la population Lab-B) et MCW0103 (non-génotypé chez GGG, GGS, BEL, WEL, Br-f et Br-m) ont été exclus de cette analyse.

LT, PI et HP : les écotypes locaux ; GGG et GGS : les populations sauvages ; Br-m, Br-f, BEL, WEL : les lignées commerciales hautement sélectionnées ; Lab-A, Lab-B, Lab-C et Lab-D : les lignées labels.

La hiérarchisation de la diversité globale de l'ensemble des populations de la présente étude a été réalisée par l'AMOVA. Les quatre groupes considérés étaient : les populations sauvages (GGG et GGS), les populations commerciales (Br-m, Br-f, WEL et BEL), les populations labels (Lab-A, Lab-B, Lab-C et Lab-D) et les écotypes locaux algériens (LT, PI et HP). Le résultat a montré que le pourcentage de variation entre ces groupes est de 2,94%, entre les populations au sein de ces groupes est de 19,15% et au sein des populations, il est de 77,91%. Ce résultat signifie que la diversité globale est due principalement à la diversité entre les individus au sein des populations.

3.4. Assignment des individus à des populations génétiques et clustering

3.4.1. Réalisation d'un arbre individuel

La première approche que nous avons utilisée pour représenter le regroupement des individus est l'arbre des relations génétiques construit à partir des distances d'allèles partagés (DAS) (Figure 30). Le code de couleur utilisé pour construire la figure a permis d'attribuer une couleur différente à chaque population. Le résultat a montré que les poulets de chacune des populations de référence sont regroupés dans un clade (avec un pourcentage de 100%), ce qui révèle un degré considérable de différenciation de ces populations. Les écotypes locaux présentent une image très différente : leurs individus apparaissent clairement regroupés dans un même groupe avec la présence de quelques individus dispersés parmi les nœuds de quelques populations de référence. Le grand mélange des poulets locaux sur l'arbre reflète la grande proportion d'allèle partagé entre ces oiseaux qui résulte d'un flux génétique élevé entre les trois écotypes.

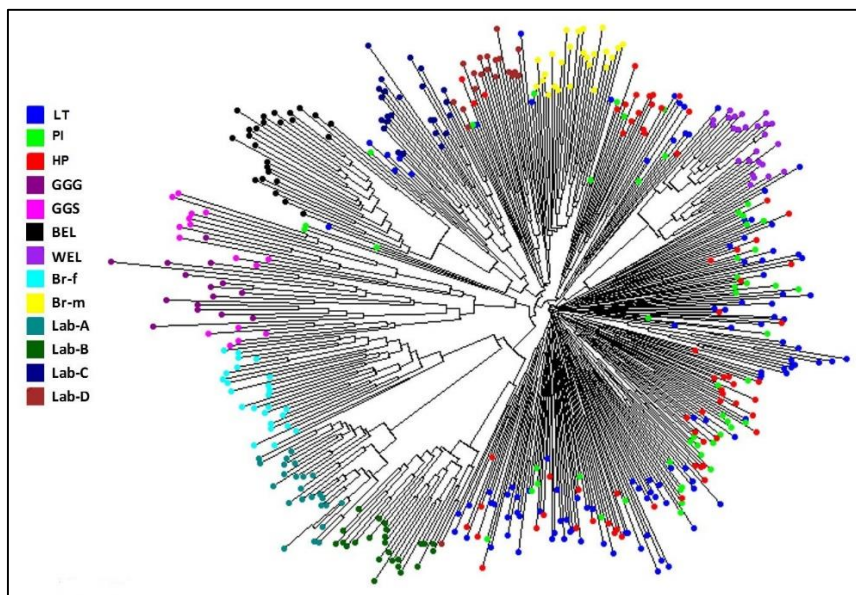


Figure 30 : Dendrogramme des distances des allèles partagés (DAS) entre chaque individu de toutes les populations avec 21 marqueurs microsatellites¹.

¹ : les deux marqueurs MCW0014 (non-génotypé chez la population Lab-B) et MCW0103 (non-génotypé chez GGG, GGS, BEL, WEL, Br-f et Br-m) ont été exclus de cette analyse. LT, PI et HP : les écotypes locaux ; GGG et GGS : les populations sauvages ; Br-m, Br-f, BEL, WEL : les lignées commerciales hautement sélectionnées ; Lab-A, Lab-B, Lab-C et Lab-D : les lignées labels. Chaque point représente un seul individu ; les populations se distinguent par des couleurs différentes comme le montre la légende.

3.4.2. Affectation des individus par le logiciel GeneClass2

L'affectation des individus aux populations étudiées a été aussi réalisée par le logiciel GeneClass2 (Piry et *al.*, 2004). Les résultats indiquent que 39 % et 35 % des poulets des plaines intérieures et des hauts plateaux, respectivement, ont montré une plus grande probabilité d'affectation à l'écotype du littoral qu'à leur écotype d'origine (Tableau XVIII). Par contre, un faible taux de poulets du littoral a montré une plus grande probabilité d'affectation à un des deux autres écotypes qu'à leur écotype d'origine : 1% affecté à l'écotype des plaines intérieures et 3 % affecté à l'écotype des hauts plateaux. Nous remarquons aussi que certains poulets des lignées commerciales peuvent être significativement affectés aux écotypes locaux algériens, mais la probabilité d'affectation était toujours inférieure à la probabilité d'affectation à leur population d'origine.

Le fait qu'une proportion relativement élevée de poulets des plaines intérieures et des hauts plateaux soit affectée à l'écotype du littoral, peut être expliqué par la plus grande diversité observée dans les écotypes LT par rapport aux deux autres écotypes. Ces résultats nous laissent supposer que la région côtière est la région de l'introduction et de mélange des populations de poulets domestiques en Algérie. Cela semble en accord avec les données historiques. Après les Phéniciens qui ont introduit le poulet dans le bassin méditerranéen (Bessadok et al, 2003), l'Algérie a subi plusieurs conquêtes coloniales romaine, espagnole et française. Chaque entrée des colonisateurs sur le territoire algérien a été réalisée par la voix maritime avant la propagation à l'intérieur des terres. Ainsi, chacune de ces conquêtes a forcément laissé sa marque sur l'agriculture algérienne en général, et sur l'élevage de la volaille domestique, en particulier.

Tableau XVIII : Affectation des individus à une population, basée sur le génotypage par 21 microsatellites¹.

	LT	PI	HP	GGG	GGS	BEL	WEL	Br-f	Br-m	Lab-A	Lab-B	Lab-C	Lab-D
LT	113	(111)-1	(107)-3								(1)	(2)	
PI	(31)-20	52	(46)-4						(1)				(1)
HP	(44)-24	(59)-9	68										
GGG				15	1								
GGS		(2)		(1)	16								
BEL	(20)	(21)	(9)			25							
WEL	(19)	(25)	(15)				25						
Br-f		(5)						25					
Br-m	(19)	(23)	(16)						25				(1)
Lab-A	(20)	(21)	(8)							24			
Lab-B	(18)	(14)	(7)								24		
Lab-C	(23)	(24)	(21)									24	(3)
Lab-D	(20)	(20)	(15)									(1)	20

¹ : les deux marqueurs MCW0014 (non-génotypé chez la population Lab-B) et MCW0103 (non-génotypé chez GGG, GGS, BEL, WEL, Br-f et Br-m) ont été exclus de cette analyse.

En ligne : la population d'origine ; **en colonne** : la population à laquelle les individus sont affectés ; **en diagonal** : les effectifs de chaque population.

(n) : il existe une autre population pour laquelle la probabilité est supérieure à 5 % mais reste inférieure à la probabilité d'affectation à la population d'origine ; **n** : la probabilité d'affectation à la population d'origine est supérieure à 5 % mais il existe une valeur supérieure pour l'affectation à une autre population.

3.4.3. Assignment des individus par le logiciel Structure

La dernière approche de clustering utilisée avait pour but, d'une part, d'étudier la structuration de la population algérienne, et d'autre part d'estimer le degré d'introgession des gènes des populations commerciales dans le pool de gènes local ou de proximité génétique entre les populations étudiées. Deux jeux de données ont été analysés par le logiciel Structure. Le premier comporte la population locale algérienne et les populations commerciales et le second comporte seulement la population locale algérienne.

La figure 31 montre les variations de la valeur de $L(K)$ selon les valeurs de K . Nous remarquons que $L(K)$ augmente considérablement de $K = 2$ à $K = 7$ et par la suite il diminue, tandis que son écart-type augmente. Cela indique que $K = 7$ capte la majeure partie de la structure génétique présente dans le jeu de données, et que seule une proportion mineure de celle-ci est décrite par des valeurs plus élevées de K .

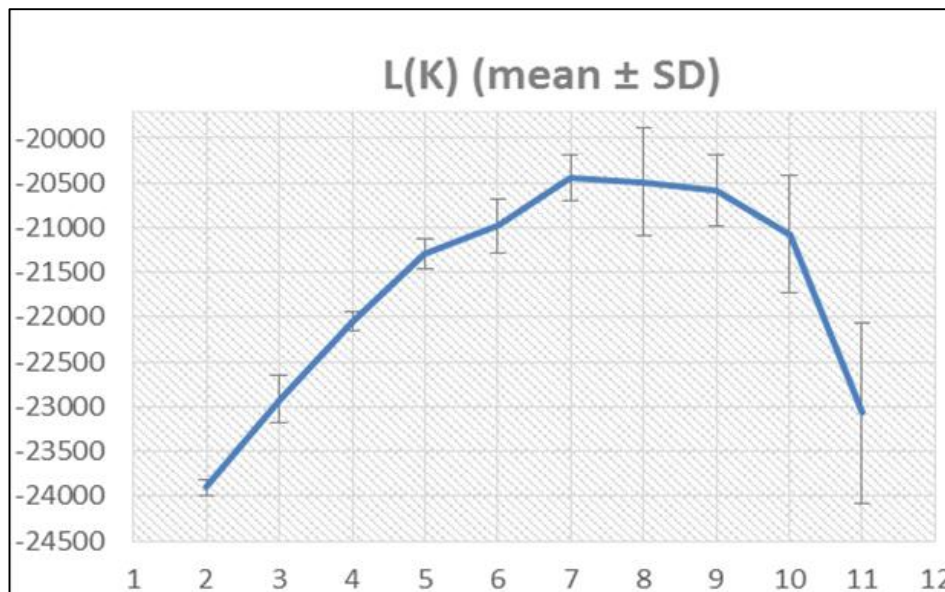


Figure 31 : Moyenne de log- likelihood , $L(K)$, et écart-type (SD) pour chaque valeur de K .

La figure 32a montre que les trois écotypes algériens se sont regroupés comme un groupe différent des populations de référence à partir de $K = 5$. Mais à $K = 7$ (meilleure valeur de K). Les trois écotypes ont formé un groupe hétérogène de trois clusters, que nous nommons par la suite : pool de gènes A (en rouge), B (en bleu) et C (en jaune).

Globalement, dans la population algérienne (Figure 32a), certains individus montrent une constitution génétique homogène, avec plus de 95% d'appartenance, à l'un des trois clusters : 22 individus (9,5%) pour le pool de gènes (A), 13 individus (6,5%) pour le pool de gènes (B) et 17 individus (7%) pour le pool de gènes (C). Les 77% restants montrent une constitution génétique mixte entre les trois pools de gènes (A, B et C). Au sein des écotypes, la proportion de ces trois pools de gènes est différente. L'analyse faite sur le jeu de données, comportant seulement les écotypes algériens (Figure 32b), a montré des résultats similaires.

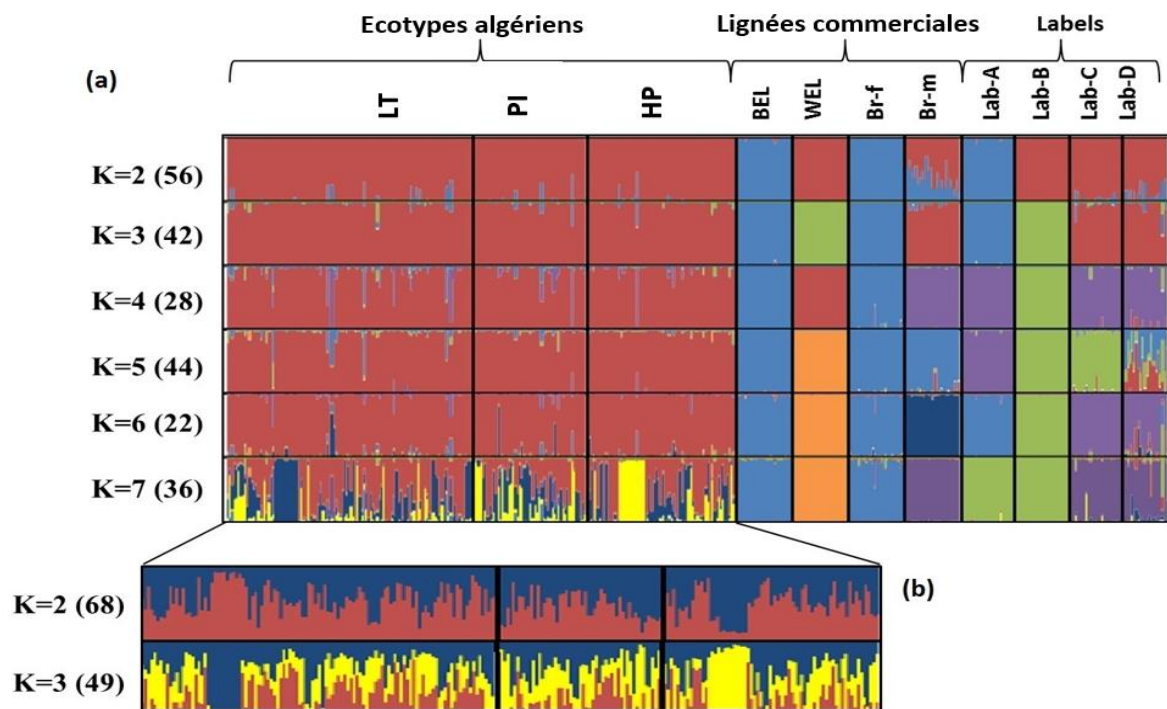


Figure 32 : Résultats de la structuration génétique des populations étudiées par le logiciel Structure avec 21 marqueurs microsatellites¹.

¹: les deux marqueurs MCW0014 (non-génotypé chez la population Lab-B) et MCW0103 (non-génotypé chez GGG, GGS, BEL, WEL, Br-f et Br-m) ont été exclus de cette analyse. LT, PI et HP : les écotypes locaux ; GGG et GGS : les populations sauvages ; Br-m, Br-f, BEL, WEL : les lignées commerciales hautement sélectionnées ; Lab-A, Lab-B, Lab-C et Lab-D : les lignées labels.

Toujours à $K = 7$, nous avons remarqué l'émergence de deux groupes homogènes au sein des trois écotypes algériens. Le premier est composé de 11 individus de l'écotype LT correspondant avec 97% au pool de gènes B. Le second est composé de 12 individus de l'écotype HL et correspondant avec 96% au groupe de gènes C. Chacun de ces deux groupes correspond à un seul troupeau, le premier situé dans le village Boughirate dans la wilaya de Mostaganem et le deuxième dans le village Ain El Hadjar dans la wilaya de Saida. Ces deux troupeaux sont isolés et fermés. A l'exception de ces deux regroupements, aucune structure génétique n'a pu être mise en évidence dans la population locale algérienne.

Concernant les populations de référence, elles se sont structurées graduellement de façon à former des groupes distincts au fur et à mesure que la valeur de K augmente. La pouleuse d'œufs blancs (WEL) est la première à se différencier (à $K = 5$), la dernière est la lignée mâle de poulets de chair (Br-m) qui s'est séparée des autres populations à $K=9$.

La structure de la population locale algérienne, caractérisée par un niveau élevé de mélange, a été observée également dans certaines populations de poulet locales africaines telle que la population zimbabwéenne (Muchadeyi et al., 2007); et asiatiques avec la population Vietnamiennne (Ngo Thi Kim Cuc et al., 2006)). Ce type de structuration témoigne d'une faible différenciation et d'un niveau élevé de flux de gènes. Cela n'est pas le cas pour les populations de référence commerciales. Ces résultats reflètent le contraste différent de la gestion de l'élevage de poulet : en Europe, l'élevage en race pure est préférable tandis qu'en Asie et en Afrique le mode d'élevage exhaustif favorise le flux de matériel génétique entre les différentes populations.

3.5. Introgression des gènes des lignées commerciales dans le pool de gènes local

La comparaison des résultats, obtenus par le logiciel Structure, sur le plan individuel pour $K = 7$ a révélé que 32 (14%) des poulets algériens avaient des valeurs de q , des clusters d'oiseaux commerciaux, supérieure à 0,2.

La proportion d'introgression est plus élevée dans l'écotype LT par rapport aux écotypes IP et HL. 24 de ces 32 poulets appartiennent à l'écotype LT, et 15 d'entre eux proviennent de la wilaya de Mostaganem (Figure 33). Cela peut-être dû au fait que les grands élevages industriels sont situés au niveau de la région côtière.

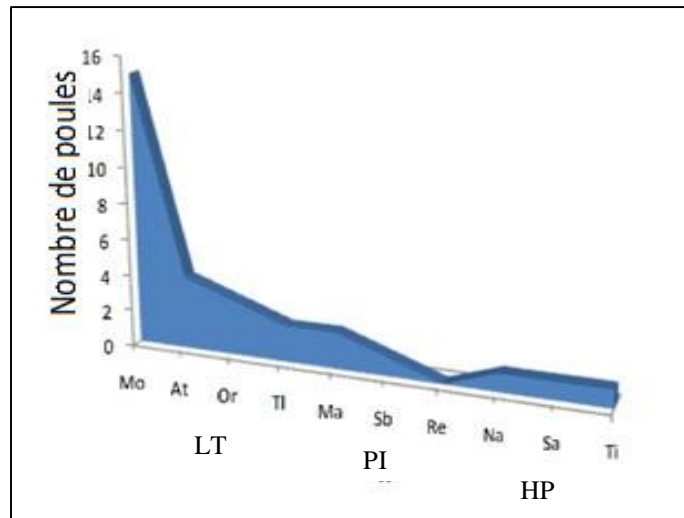


Figure 33 : Distribution du nombre de poules présentant un degré d'introgression $> 0,2$ entre ces trois écotypes locaux.

Écotype du littoral (LT) : Mostaganem (Mo), Ain-Temouchent (At), Oran (Or) et Tlemcen (TI) ;

Écotype des plaines intérieures (PI) : Mascara (Ma), Sidi Bel Abbes (Sb) et Relizane (Re) ;

Écotype des hauts plateaux (HP) : Naama (Na), Saida (Sa) et Tiaret (Ti).

Le taux d'introgression de gènes des races commerciales dans le pool de gènes local, non négligeable, et peut-être dû au croisement non contrôlé. Pourtant, aucun éleveur n'a déclaré sa participation à des programmes d'amélioration par croisement avec des races commerciales comme c'était le cas au Maroc (Leroy *et al.*, 2012). Des résultats analogues ont été aussi rapportés par Wimmers *et al.* (2000) qui ont mis en évidence un taux élevé d'introgression des gènes de poules commerciales dans les populations locales nigérianes et tanzaniennes. Or pour ces deux pays, l'introgression est justifiée par des opérations d'amélioration par les croisements avec des coqs de lignées commerciales (opération coq des années 50) (Wimmers *et al.*, 2000). Cette introgression pourrait avoir des impacts majeurs sur la structure génétique des populations locales.

En fin, la race la plus représentée par l'introgression est Lab-D, tandis que, selon nos connaissances, cette race n'appartient pas au groupes des races de poulets importées en Algérie. Nous pouvons expliquer ce résultat par la présence d'allèles en commun de cette population avec l'une des races commerciales élevées en Algérie, et dont l'introgression entre cette race et des poulets locaux de l'ouest algérien a été effectuée.

3.6. Influence de la localisation géographique

L'analyse PCAiv permet de quantifier la proportion de la diversité entre les individus due à l'origine géographique. Les résultats de cette analyse sont représentés dans la figure 34. Les trois variables explicatives, la latitude, la longitude et l'altitude, incluses dans l'analyse, peuvent expliquer 2,56 % de la variabilité totale entre les poulets locaux algériens. Les tests de permutations de Monte Carlo (999 permutations) montre que la variabilité expliquée par le modèle est hautement significative ($p < 0,001$). Les deux premiers axes ont expliqué respectivement, 41,53% et 33,91% de la variance due à la géographie. L'utilisation de la fonction RDA "*Regularized Discriminant Analysis*" du package "*vegan*", implantée dans le logiciel R, pour analyser l'effet de chaque variable explicative séparément, a montré que le principal vecteur influençant la variation individuelle sur le premier axe était l'altitude. Cette variable explique 1% de la variabilité inter-individuelle (39% de la variabilité due au modèle).

Dans notre région d'étude, l'altitude est proportionnelle à la température, cela nous mène à suggérer que la température a un certain effet sur la variation génétique des poulets locaux. Mais généralement, nous avons constaté que l'emplacement géographique contribue peu à la diversité génétique des trois écotypes.

Pour obtenir un aperçu sur les causes sous-jacentes de la différenciation due à l'altitude, nous avons inspecté les charges d'allèles associés. Cette étude a révélé que la construction du premier axe a été essentiellement due à l'action d'un seul allèle : l'allèle 139 du locus MCW0216. Ce résultat nous permet de suggérer que ce microsatellite peut être lié soit physiquement soit fonctionnellement avec un gène important dans le mécanisme de l'adaptation physiologique. De tels changements des fréquences des allèles pourraient aussi être suggestifs de la sélection naturelle ou des caractères adaptatifs. Il serait donc intéressant d'analyser la diversité génétique avec une grande diversité de populations locales afin d'identifier les régions du génome les plus touchées par l'effet de la géographie. Des analyses spatiales de la diversité génétique des poulets dans des pays de l'Afrique de l'Ouest ont suggéré une association entre des groupes de gènes et des zones agro-écologiques (Leroy *et al.*, 2012).

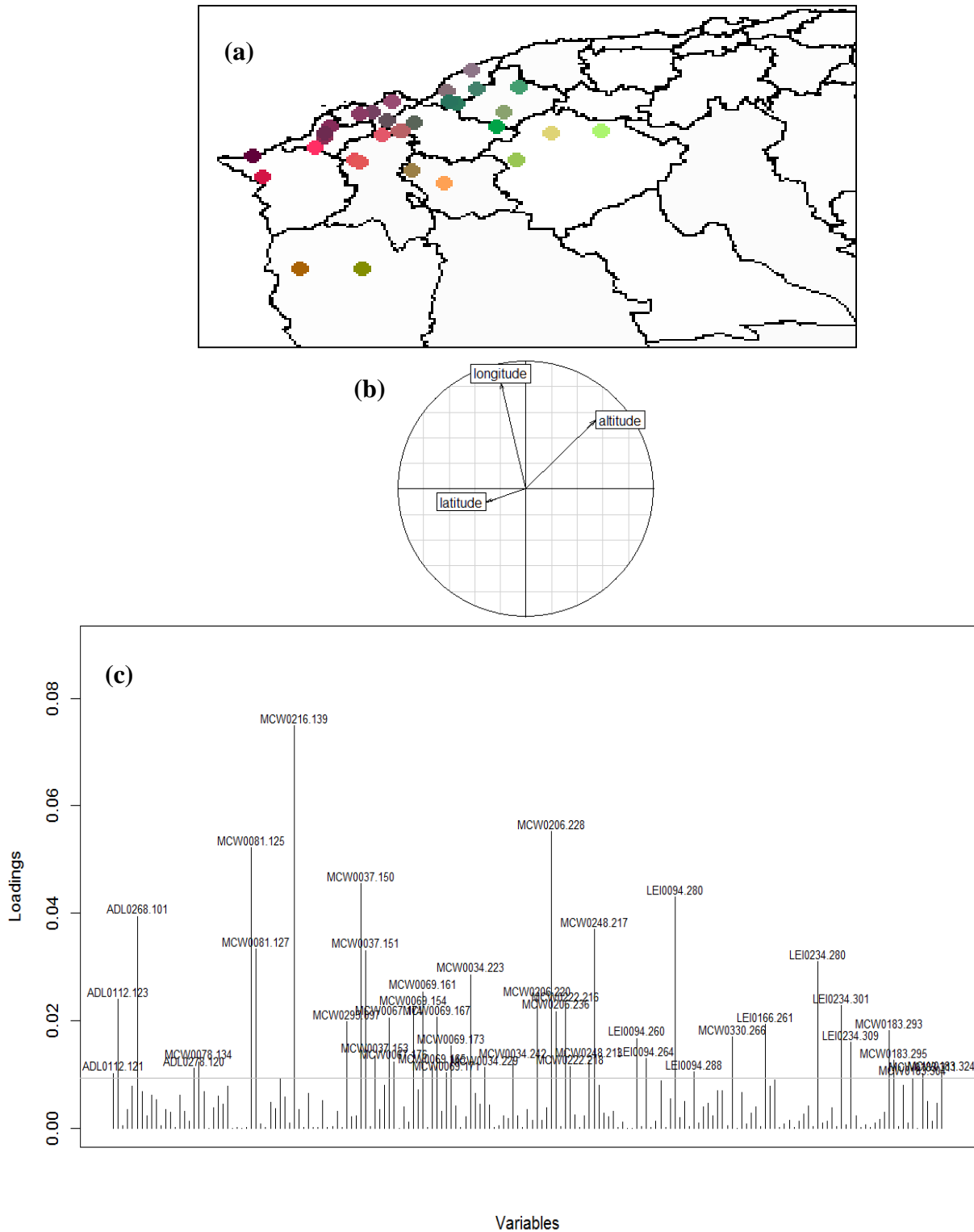


Figure 34 : Résultats de la PCAiv: (a) l'extrapolation des résultats de l'ACP sur la carte, (b) cercle de corrélation entre les trois variables explicatives. (c) charges des allèles des 23 microsatellites.

IV. Conclusion

Les résultats de la caractérisation moléculaire des poules locales de l'Ouest algérien, ont permis de confirmer la diversité génétique observée sur le plan phénotypique et reflètent le type d'élevage aléatoire de cette population.

Une grande variabilité génétique est observée au sein de la population algérienne qui a présenté un total de 184 allèles, dont 35 lui-sont spécifiques, et une valeur d'hétérozygotie ($H_o = 0,557$) intermédiaire entre celles observées chez les populations de poules sauvages (H_o varient entre 0,601 et 0,687) et les lignées commerciales (H_o varient entre 0,244 et 0,51).

Bien que l'analyse de la structuration des écotypes algériens n'a pas révélé de sous populations, l'approche supervisée, en utilisant des données de la localisation géographique des individus, a montré une différenciation faible (2,56) mais significative ($P < 0,01$) entre les poules des trois écotypes

De ce fait, nous pouvons conclure que l'absence d'un programme de gestion des élevages ou de sélection organisée pour un type de production donné ainsi que l'importance de la migration non contrôlée d'oiseaux entre les troupeaux, provoque un flux de gènes continue entre les écotypes, favorisant la diversité au sein de la population et diminuant la différenciation génétique entre les écotypes.

Le rapprochement avec les lignées commerciales peut être soit le reflet d'un degré d'introgession important au sein des populations locales algériennes, ou la cause d'une similarité phylogénétique. Dans le cas où il s'agit d'une introgession, ceci peut contribuer à augmenter le nombre d'allèles présents à chaque locus mais peut diminuer l'originalité des populations locales.

Conclusion générale

Conclusion générale

Conclusion, perspectives et recommandations

L'aviculture traditionnelle en Algérie, comme dans les autres pays en développement, joue un rôle socioéconomique et culturel important en milieu rural. L'objectif général de notre étude a été de caractériser la population de poules locales de l'Ouest algérien, région comprenant trois zones agro-écologiques.

De notre étude, il ressort que l'élevage de poules locales est une activité plutôt féminine, le plus souvent pratiquée dans un système semi-divagant, dont le produit résultant est destiné pour l'autoconsommation et/ou la vente. La faible productivité de la poule locale de l'ouest algérien est essentiellement due aux contraintes du système d'élevage divagant ou semi-divagant caractérisé par l'utilisation de très peu d'intrants (aliments et médicaments).

Une importante diversité morphologique attribuable à des gènes majeurs a été observée. Cette diversité génétique est marquée par la présence de certaines mutations (Cou Nu, huppe...). L'absence d'autres mutations (barbe et favoris, frisé, nanisme...) identifiées dans d'autres pays africains peut résulter d'une sélection inconsciente, vis-à-vis d'un phénotype donné. Les mensurations corporelles considérées (poids corporel, longueur des tarses et des barbillons, diamètre des tarses et hauteur des crêtes) confirment le dimorphisme sexuel connu pour cette espèce avec des valeurs de poids corporel significativement ($p > 0.01$) plus élevées chez le mâle (1817 ± 297 g) que chez la femelle (1335 ± 227 g).

L'usage des marqueurs microsatellites a permis de confirmer, au niveau moléculaire, la diversité génétique observée au niveau morphologique. Une grande richesse allélique a été identifiée pour la population de poules locales de l'Ouest algérien, avec une moyenne de 8,09 allèles par locus et un niveau d'hétérozygotie important ($H_e = 0,609$, $H_o = 0,557$). Ces moyennes se trouvent dans l'intervalle de la gamme de variation de ce qui a été généralement rapporté dans nombreux travaux (Crooijmans et al., 1997 ; Berthouly et al., 2008, Fotsa, 2008 ; Leroy et al., 2012).

Cependant, en se basant sur les données phénotypiques ou moléculaires, aucune structuration claire n'a pu être identifiée pour la population de poules locales échantillonnées

en fonction de la zone agro-écologique d'origine. Ces résultats nous autorisent à considérer que les poules originaires des différents écotypes étudiés comme une seule et même population.

L'originalité de la poule locale de l'Ouest algérien est menacée, les résultats ont montré un degré d'introgression non négligeable des gènes des lignées commerciales au niveau du pool de gènes locaux. Aujourd'hui les poules de lignées commerciales ont tendance à supplanter les races locales surtout dans les zones de commercialisation (cas de la wilaya de Mostaganem). Les faibles connaissances des populations de poules locales, élevées dans des pays où les poules commerciales s'imposent de plus en plus pourraient conduire à leur disparition si aucune action n'est mise en place (Moula, 2012).

La conservation des ressources génétiques avicoles nécessite donc une réaction rapide des autorités politiques par le dégagement de budgets spéciaux pour la conservation des ressources génétiques menacées, de la communauté scientifique par des encouragements des travaux de recherche sur l'évaluation et la caractérisation des races locales et des éleveurs par création d'associations locales pour maintenir la diversité génétique de chaque race, l'amélioration et le partage du savoir-faire.

Dans ce contexte, nos perspectives visent à mettre en œuvre un programme de recherche pour conserver et améliorer la poule locale. Dans un tel programme, il est systématiquement nécessaire de s'intéresser à la fois aux poules elles-mêmes : leur variabilité phénotypique, leurs caractéristiques zootechniques, leur adaptation aux caractéristiques géographiques et climatiques des zones étudiées, et aux conditions d'élevage du point de vue social, économique et culturel.

L'objectif global de ce programme est d'améliorer les performances de ces poules, sans toutefois mettre en péril le patrimoine génétique original, qui a l'énorme avantage de conférer à nos poules une rusticité très intéressante.

Ce programme doit être dirigé par un groupe de chercheurs pluridisciplinaires, à savoir des généticiens, des zoologues, des médecins vétérinaires, etc. La création d'un centre de recherche scientifique permettra de réunir, ces différents chercheurs et de mettre en œuvre les outils d'évaluation, de conservation et d'amélioration de la poule locale.

La première étape de ce programme consiste à l'amélioration du matériel génétique disponible par la sélection et les croisements. La sélection sera réalisée par le choix des oiseaux

les plus performants et les plus appréciés par les éleveurs et par les consommateurs et la mise en exploitation des troupeaux d'effectifs assez importants de 300 à 500 par groupe. Un effectif important doit permettre de limiter l'augmentation du taux de consanguinité dans le troupeau sélectionné. Au cours de la sélection, le choix des oiseaux les plus proches génétiquement aux poules des lignées commerciales (suite à une comparaison), permettra, éventuellement, de raccourcir le processus de sélection. Par ailleurs, la prise en considération des gènes majeurs au cours de cette sélection permettra de maintenir la diversité visible de la poule locale, de préserver les allèles qui risquent de disparaître ainsi que d'exploiter les avantages économiques de certains de certains gènes, tels que le gène "cou nu" sur la thermo-tolérance.

Les croisements vont vraisemblablement se poursuivre. L'intérêt est de pouvoir apporter rapidement une amélioration visible des performances que la sélection du troupeau-type ne pourrait produire que plus progressivement (Blackburn, 2007). Pour réaliser cela, nous pouvons nous inspirer des protocoles de croisements mis en place pour augmenter la productivité des poules locales dans certains pays africains tels que les croisements réalisés, en Egypte, sur la race Fayoumi avec plusieurs souches commerciales (Amer, 1990).

Dans une deuxième étape, un travail sur le terrain doit être réalisé. Il consiste à distribuer les oiseaux améliorés aux éleveurs, le devenir, de ces dernières, sera suivi. Les élevages devront être gérés en un système semi-divaguant avec la distribution d'un complément alimentaire, associée à un suivi sanitaire strict et contrôlé avec des traitements anti-infectieux. Ces instructions vont permettre d'avoir des animaux indemnes de toutes maladies infectieuses avec un meilleur poids corporel. Pour un tel programme, la mise en place d'un projet de développement rural basé sur l'exploitation commerciale des races locales est recommandée. Des regroupements villageois, plus particulièrement féminins, seront intégrés à ce projet. La formation de ces éleveurs est ainsi nécessaire et elle peut être réalisée par l'intermédiaire des organismes de vulgarisation agricole et de développement rural.

Enfin, si le programme est bien mené, on aboutira à une excellente qualité du produit final pour la filière avicole et donc minimisera la dépendance vis-à-vis des génotypes importés. Ce type de programme de gestion des ressources génétiques est envisageable à condition que les personnes visées y voient une opportunité (essentiellement économique) compatible avec leur mode de vie (Anderson et Centorze, 2007). Pour cela, il doit impérativement être soutenu par le gouvernement et par les forces politiques.

A la fin de notre travail, nos recommandations s'articulent sur les points suivants :

- l'évaluation économique approfondie de la filière avicole avec un accent sur l'aviculture traditionnelle,
- le recensement des effectifs et des élevages de poules locales avec une évaluation précise des performances de reproduction et de croissance.
- l'amélioration des conditions d'élevage (logements, aliments, vaccins,..) et de commercialisations des poulets (accès et organisation des marchés) et l'amélioration du matériel génétique locale (par sélection et/ou croisement avec des races améliorées),
- les contraintes imposées par le manque de formation et les faibles moyens techniques dont disposent les éleveurs ainsi que les difficultés relatives au manque de ressources alimentaires et sanitaires devraient être évaluées,
- la mise en place des programmes visant à promouvoir l'élevage rural avec de petits projets s'appuyant sur les femmes qui jouent déjà un rôle important dans l'aviculture rurale. Ce genre d'opération pourra être pris en charge par des organisations et des programmes nationaux,
- sur le plan scientifique, la documentation très limitée aujourd'hui mériterait d'être largement enrichie. À l'avenir, il est important d'envisager le développement de nouvelles procédures informatisées pour faciliter la collecte et l'entretien des performances et des informations sur les ressources génétiques animales en général et des races de poules en particulier.

Références bibliographiques

Références bibliographiques

- Adebambo, A., Mobegi, V., Mwacharo, J., Oladejo, B., Adewale, R., Ilori, L., Makanjuola, B., Afolayan, O., Bjornstad, G., Jianlin, H., 2010.** Lack of Phylogeographic Structure in Nigerian Village Chickens Revealed by Mitochondrial DNA D-loop Sequence Analysis. *International Journal of Poultry Science*.
- Agbede, G., Demey, F., Verhulst, A., Bell, J., 1992.** Prévalence de la maladie de Newcastle dans les élevages traditionnels de poulets du Cameroun. *Bulletin de Office International des Epizooties* 11, 805-811.
- Agbédé, G., Tegua, A., Manjeli, Y., 1995.** Enquête sur l'élevage traditionnel des volailles au Cameroun. *Tropicultura* 13, 22-24.
- Akouango, F., Bandtaba, P., Ngokaka, C., 2010.** Croissance pondérale et productivité de la poule locale *Gallus domesticus* en élevage fermier au Congo. *Animal Genetic Resources* 46, 61-65.
- Akouango, F., Mouangou, F., Ganongo, G., 2004.** Phénotypes et performances d'élevage chez des populations locales de volailles du genre *Gallus gallus* au Congo Brazzaville. *Cahiers Agricultures* 13, 257-262.
- Audiot, A., 1995.** Races d'hier pour l'élevage de demain. INRA Editions, 230 p.
- Ayssiwede, S., Dieng, A., Houinato, M., Chrysostome, C., 2013.** Elevage des poulets traditionnels ou indigènes au Sénégal et en Afrique Subsaharienne : état des lieux et contrainte. *Annales de Médecine Vétérinaire* 157, 103-119.
- Badubi, S., Rakereng, M., Marumo, M., 2006.** Morphological characteristics and feed resources available for indigenous chickens in Botswana. *Livestock Research for Rural Development* 18.
- Bartels, T., 2003.** Variations in the morphology, distribution, and arrangement of feathers in domesticated birds. *Journal of Experimental Zoology Part B: Molecular and Developmental Evolution* 298, 91-108.
- Baumung, R., Simianer, H., Hoffmann, I., 2004.** Genetic diversity studies in farm animals—a survey. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 121, 361-373.
- Bautista Salas, A.M., 2009.** Caractérisation agro-morphologique et moléculaire d'une collection de landraces péruviennes de pigeonpea (*Cajanus cajan* L. Millsp.) pour l'analyse de sa diversité. Ph.D Thesis, FUNDP, p. 245.
- Beaumont, C., Chapuis, H., 2003.** Génétique quantitative et Sélection: Evolution des méthodes et des caractères. *Journées de la Recherche Avicole, Tours* 5, 347-354.
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., Bonhomme, F., 1996.** GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. In *Laboratoire Génome, Populations, Interactions: CNRS.UPR. 9060*. Edited by. Montpellier, France: Université Montpellier II. 5000, 1996-2004.

- Benabdeljelil, K., Arfaoui, T., 2001.** Characterization of Beldi chicken and turkeys in rural poultry flocks of Morocco. Current state and future outlook. *Animal Genetic Resources* 31, 87-95.
- Benabdeljelil, K., Bordas, A., 2005.** Prise en compte des préférences des éleveurs pour la caractérisation des populations locales de poulets au Maroc. Sixièmes Journées de la Recherche Avicole, St Malo 30, 559.
- Berg, E.E., Hamrick, J., 1997.** Quantification of genetic diversity at allozyme loci. *Canadian Journal of Forest Research* 27, 415-424.
- Berima, M.e.A., Yousif, I.A., Eding, H., Weigend, S., Musa, H.H., 2013.** Population structure and genetic diversity of Sudanese native chickens. *African Journal of Biotechnology* 12, 6424-6431.
- Berte, D., 1987.** L'aviculture au Burkina Faso: Epidémiologie et prophylaxie des maladies infectieuses aviaires majeures: bilan et perspectives. Ph.D Thesis, EISMV University, p. 230.
- Berthouly, C., Bed'Hom, B., Tixier-Boichard, M., Chen, C., Lee, Y., Laloë, D., Legros, H., Verrier, E., Rognon, X., 2008.** Using molecular markers and multivariate methods to study the genetic diversity of local European and Asian chicken breeds. *Animal genetics* 39, 121-129.
- Bessadok, A., Khochlef, I., El Gazzah, M., 2003.** Etat des ressources génétiques de la population locale du poulet en Tunisie. *Tropicultura* 21, 167-172.
- Bisimwa, C., 2003.** Les principales races en aviculture. *Troupeaux et Cultures des Tropiques*, Dossier spécial volaille 1, 4-8.
- Boichard, D., Leroy, P., Levéziel, H., Elsen, J., 1998.** Utilisation des marqueurs moléculaires en génétique animale. *Inra Productions Animales* 11, 67-80.
- Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M., Davis, R.W., 1980.** Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American journal of human genetics* 32, 314-331.
- Bowers, R.R., Lujan, J., Biboso, A., Kridel, S., Varkey, C., 1994.** Premature avian melanocyte death due to low antioxidant levels of protection: fowl model for vitiligo. *Pigment cell research* 7, 409-418.
- BRG, (Bureau des Ressources Génétiques), 1998.** Charte Nationale pour la gestion des ressources génétiques, France. BRG, Rapport à l'OAA (Organisation des Nations Unis pour l'Alimentation et l'Agriculture), p. 56.
- Bryant, D., Moulton, V., 2004.** Neighbor-net: an agglomerative method for the construction of phylogenetic networks. *Molecular Biology and Evolution* 21, 255-265.
- Burt, D., 2002.** Origin and evolution of avian microchromosomes. *Cytogenetic and genome research* 96, 97-112.
- Ceccobelli, S., 2013.** Genetic diversity of mediterranean autochthonous chicken breeds. Ph.D thesis, University of Padua and University of Perugia, Italy. 141.
- Chabi Toko, R., 2008.** Caractérisation phénotypique et gestion de la population de poulets locaux dans les communes de Dassa et de Toffo au Bénin. Mémoire DEA, Université d'Abomey-Calavi. 74.

- Chambers, G.K., MacAvoy, E.S., 2000.** Microsatellites: consensus and controversy. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B: Biochemistry and Molecular Biology* 126, 455-476.
- Chapuis, M.-P., Estoup, A., 2007.** Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. *Molecular biology and evolution* 24, 621-631.
- Charrier, A., 2006.** Evolution historique de la notion de ressources génétiques dans le domaine végétal. *Les ressources génétiques à l'orée de temps nouveaux*, 18-19.
- Coltherd, J., 1966.** The domestic fowl in ancient Egypt. *Ibis* 108, 217-223.
- Coquerelle, G., 2000.** Les poules: diversité génétique visible. Editions Quae.
- Crawford, R., 1990.** Chapter 1. Origin and history of poultry species. Crawford, R.D., editor. *Poultry Breeding and Genetics*. Elsevier Science Publishers, Amsterdam.
- Crooijmans, R.P., Am Van Oers, P., Strijk, J.A., Van Der Poel, J.J., Am Groenen, M., 1996.** Preliminary linkage map of the chicken (*Gallus domesticus*) genome based on microsatellite markers: 77 new markers mapped. *Poultry Science* 75, 746-754.
- Cuc, N., Simianer, H., Eding, H., Tieu, H., Cuong, V., Wollny, C., Groeneveld, L., Weigend, S., 2010.** Assessing genetic diversity of Vietnamese local chicken breeds using microsatellites. *Animal genetics* 41, 545-547.
- Darwin, C., 1859.** *L'origine des espèces*. John Murray, London.
- Delany, M.E., 2003.** Genetic Diversity and Conservation of Poultry. In: Muir W.M. & Aggrey S.E. (Ed.), *Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology*, CABI Publishing CAB International, Trowbridge, UK, pp. 257-81.
- Dessie, T., Ogle, B., 2001.** Village poultry production systems in the central highlands of Ethiopia. *Tropical Animal health and production* 33, 521-537.
- Dessie, T., Tadesse, M., Yami, A., Peters, K., 2003.** Village poultry production system in the Central Highlands of Ethiopia. *Trop. Anim. Health. Pro.* 33, 521-537.
- Djelil, H., 2012.** Ectoparasitisme et parasitemie du poulet de ferme (*Gallus gallus domesticus*, linnaeus 1758) Dans la region d'oran. Magister Thesis, Université d'Oran Es sénia, p. 190.
- Djerou, Z., 2006.** Influence des conditions d'élevage sur les performances chez le poulet de chair. Magister Thesis, Université Mentouri de Constantine. 148.
- Douaire, M., Gellin, J., Vignal, A., 1998.** Identification of 16 chicken microchromosomes by molecular markers using two-colour fluorescence in situ hybridization (FISH). *Chromosome Research* 6, 307-313.
- Ekue, F., Poné, K., Mafeni, M., Nfi, A., Njoya, J., 2002.** Survey of the traditional poultry production system in the Bamenda area, Cameroon. Characteristics and parameters of family poultry production in Africa, 15-25.
- El Mousadik, A., Petit, R., 1996.** High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree [*Argania spinosa* (L.) Skeels] endemic to Morocco. *Theoretical and Applied Genetics* 92, 832-839.
- Eltanany, M., Philipp, U., Weigend, S., Distl, O., 2011.** Genetic diversity of ten Egyptian chicken strains using 29 microsatellite markers. *Animal genetics* 42, 666-669.

- Esfahani, E.N., Eskandarinasab, M.P., Khanian, S.E., Nikmard, M., Molaee, V., 2012.** Genetic diversity of a native chicken breed in Iran. *Journal of genetics*, 1-4.
- Fadlaoui, A., 2006.** Modélisation bioéconomique de la conservation des ressources génétiques animales. Ph.D thesis, Université Catholique De Louvain, p. 331.
- FAO, 2005.** Interactions du genre, de la biodiversité agricole et des savoirs locaux au service de la sécurité alimentaire. manuel de formation.
- FAO, 2007a.** Global plan of action for animal genetic resources and the Interlaken Declaration. Plan d'action mondial pour les ressources zoogénétiques et la Déclaration D'Interlaken. International Technical Conference on Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. Interlaken (Suiza). 3-7 Set 2007.
- FAO, 2007b.** L'État des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde – en bref. édité par Dafydd Pilling & Barbara Rischkowsky. Rome.
- FAO, 2007c.** The state of the worlds animal genetic resources for food and agriculture. manuel de formation.
- FAO, 2011.** Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. No. 9. Rome.
- FAO, 2012.** Réalisation d'enquêtes et de suivi pour les ressources zoogénétiques. Directives FAO: Production et santé animales.
- FAO, 2013.** Caractérisation phénotypique des ressources génétiques animales. Directives FAO sur la production et la santé animales No. 11. Rome.
- FAOSTAT, 2012.** at <http://faostat.fao.org/>.
- Feliachi, K., 2003.** Rapport national sur les ressources génétiques animales: Algérie. INRAA.
- Felsenstein, J., 1989.** PHYLIP-phylogeny inference package (version 3.2). *Cladistics* 5, 164–166.
- Ferré, M., 2009.** Analyse bio-informatique du protéome mitochondrial et du spectre des mutations de la protéine Opa1. Ph.D thesis, Université d'Angers, p. 289.
- Fotsa, J., Poné, D., Manjeli, Y., Mase, J., 2007.** Etude des systèmes d'élevage et description phénotypique des poules locales (*Gallus gallus*) en milieu rural de la zone forestière du Cameroun. *Cameroon Journal of Agricultural Science* 3.
- Fotsa, J., Rognon, X., Tixier-Boichard, M., Coquerelle, G., Poné Kamdem, D., Ngou Ngoupayou, J., Manjeli, Y., Bordas, A., 2010.** Caractérisation phénotypique des populations de poules locales (*Gallus Gallus*) de la zone forestière dense humide à pluviométrie bimodale du Cameroun. *Animal Genetic Resources* 46, 49-59.
- Fotsa, J.C., 2008.** Caractérisation des populations de poules locales (*Gallus gallus*) au Cameroun. Ph.D thesis, AgroParisTech, p. 301.
- Foulley, J.-L., Ollivier, L., 2006.** Estimating allelic richness and its diversity. *Livestock Science* 101, 150-158.
- Gaouar, S.B.S., 2009.** Etude de la biodiversité: Analyse de la variabilité génétique des races ovines algériennes & de leurs relations phylogénétiques par l'utilisation de microsatellites. Ph.D thesis, Université d'Oran-Sénia, p. 300.
- Gholizadeh, M., Mianji, G.R., 2007.** Use of microsatellite markers in poultry research. *International Journal of Poultry Science* 6, 145-153.

- González-Candelas, F., Palacios, C., 1995.** Analyzing molecular data for studies of genetic diversity. Ayad WG, Hodgkin T, Jaradat A. Rao VR (eds) Molecular genetic techniques for plant genetic resources. Report of an IPGRI Workshop, pp. 9-11.
- Granevitze, Z., Hillel, J., Feldman, M., Six, A., Eding, H., Weigend, S., 2009.** Genetic structure of a wide-spectrum chicken gene pool. *Animal genetics* 40, 686-693.
- Groenen, M.A., Cheng, H.H., Bumstead, N., Benkel, B.F., Briles, W.E., Burke, T., Burt, D.W., Crittenden, L.B., Dodgson, J., Hillel, J., 2000.** A consensus linkage map of the chicken genome. *Genome Research* 10, 137-147.
- Gueye, E., 2002.** Employment and income generation through family poultry in low-income food-deficit countries. *World's Poultry Science Journal* 58, 541-557.
- Gueye, E.H.F., 1998.** Village egg and fowl meat production in Africa. *World's Poultry Science Journal* 54, 73-86.
- Gyllensten, U., Wharton, D., Josefsson, A., Wilson, A.C., 1991.** Paternal inheritance of mitochondrial DNA in mice. *Nature* 352, 255 - 257.
- Hainzelin, E., 2013.** Cultiver la biodiversité pour transformer l'agriculture. Editions Quae, 264p.
- Halbouche, M., Dahloun, L., Mouats, A., Didi, M., Benabdelmoumene, D., Dahmouni, Z., 2012.** Sélection D'une Souche Avicole locale Thermotolérante en Algérie. Programme et Résultats Préliminaires. *European Journal of Scientific Research* 71, 569-580.
- Halima, H.M., 2007.** Phenotypic and genetic characterization of indigenous chicken populations in Northwest Ethiopia. Ph.D Thesis, University of Free State, p. 186.
- Hamrick, J., Murawski, D.A., Nason, J.D., 1993.** The influence of seed dispersal mechanisms on the genetic structure of tropical tree populations. *Frugivory and seed dispersal: ecological and evolutionary aspects.* Springer, pp. 281-297.
- Harrison, R.G., 1989.** Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. *Trends in Ecology & Evolution* 4, 6-11.
- Hill, M., Smith, A., 1976.** Principal component analysis of taxonomic data with multi-state discrete characters. *Taxon*, 249-255.
- Hillel, J., Groenen, M.A., Tixier-Boichard, M., Korol, A.B., David, L., Kirzhner, V.M., Burke, T., Barre-Dirie, A., Crooijmans, R., Elo, K., 2003.** Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genetics Selection Evolution* 35, 533-558.
- Hillier, L.W., Miller, W., Birney, E., Warren, W., Hardison, R.C., Ponting, C.P., Bork, P., Burt, D.W., Groenen, M.A., Delany, M.E., 2004.** Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. *Nature* 432, 695-716.
- Hoda, A., Marsan, P.A., 2012.** Genetic Characterization of Albanian Sheep Breeds by Microsatellite Markers. In: Caliskan, M. (Ed.), *Analysis Of Genetic Variation In Animals*, pp. 3-27.
- Horst, P., 1989.** Native fowl as reservoir for genomes and major genes with direct and indirect effects on the adaptability and their potential for tropically orientated breeding plans. *Archiv fuer Gefluegelkunde (Germany, FR)*.

- Hossaryl, M., Galal, E., 1994.** Improvement and adaptation of the Fayoumi chicken. *Animal Genetic Resources* 14, 33-39.
- Ikeobi, C., Ozoje, M., Adenowo, J., 2001.** Frequencies of feet feathering and comb type genes in the Nigerian local chicken. *Pertanika Journal of Tropical Agricultural Science* 24, 147-150.
- Jombart, T., Pontier, D., Dufour, A., 2009.** Genetic markers in the playground of multivariate analysis. *Heredity* 102, 330-341.
- Kaplan, J., Delpech, M., 1993.** La cartographie du génome humain. *biologie moléculaire et médecine*, Paris, Flammarion, 234-269.
- Kaya, M., Yıldız, M.A., 2008.** Genetic diversity among Turkish native chickens, Denizli and Gerze, estimated by microsatellite markers. *Biochemical genetics* 46, 480-491.
- Kong, H., Oh, J., Lee, J., Jo, K., Sang, B., Choi, C., Kim, S., Lee, S., Yeon, S., Jeon, G., 2006.** Genetic variation and relationships of Korean native chickens and foreign breeds using 15 microsatellite markers. *Asian Australasian Journal of Animal Sciences* 19, 15-46.
- Lariviere, J., Leroy, P., 2008.** Conservation et valorisation de la diversité des ressources génétiques du poulet en Europe: initiatives et perspectives. *Annales de Médecine Vétérinaire*, pp. 203-220.
- Lauvergne, J., 1982.** Genética en poblaciones animales después de la domesticación, consecuencias para la conservación de las razas. *Proceedings of the 2nd World Congress on Genetics applied to Livestock Production*, Madrid, pp. 77-78.
- Leroy, G., 2008.** Genetic diversity and breed management in dogs. Ph.D Thesis, AgroParisTech, p. 210.
- Leroy, G., Kayang, B.B., Youssao, I.A., Yapi-Gnaoré, C.V., Osei-Amponsah, R., N’Goran, E.L., Fotsa, J.-C., Benabdeljelil, K., Bed’hom, B., Tixier-Boichard, M., 2012.** Gene diversity, agroecological structure and introgression patterns among village chicken populations across North, West and Central Africa. *BMC genetics* 13, 34.
- Levinson, G., Gutman, G.A., 1987.** Slipped-strand mispairing: a major mechanism for DNA sequence evolution. *Molecular biology and evolution* 4, 203-221.
- Li, Y.C., Korol, A.B., Fahima, T., Beiles, A., Nevo, E., 2002.** Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. *Molecular ecology* 11, 2453-2465.
- Liu, Y.-P., Wu, G.-S., Yao, Y.-G., Miao, Y.-W., Luikart, G., Baig, M., Beja-Pereira, A., Ding, Z.-L., Palanichamy, M.G., Zhang, Y.-P., 2006.** Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles. *Molecular phylogenetics and evolution* 38, 12-19.
- Loukou, N.G.E., 2013.** Caractérisation phénotypique et moléculaire des poulets locaux (*Gallus gallus domesticus* Linné, 1758) de deux zones agro-écologiques de la Côte-d’Ivoire. Ph.D Thesis, Université Félix Houphouët-Boigny, p. 205.
- MacDonald, K.C., Edwards, D.N., 1993.** Chickens in Africa: the importance of Qasr Ibrim. *Antiquity* 67, 584-590.
- Mahammi, F.Z., Maldji, M., 2009.** Contribution à la constitution d’une bibliothèque d’ADN aviaire (populations de l’Ouest algérien) et étude du polymorphisme pour le microsatellite MCW0041. *Mémoire de Master2, USTO, Oran, Algérie*, p. 50.

- Makanjuolal, B., Afolayanl, O., Bjrznstadz, G., Jianlin, H., Hanottel, O., 2010.** Lack of phylogeographic structure in Nigerian village chickens revealed by mitochondrial DNA D-loop sequence analysis. *International Journal of Poultry Science* 9, 503-507.
- Mapiye, C., Mwale, M., Mupangwa, J., Chimonyo, M., Foti, R., Mutenje, M., 2008.** A research review of village chicken production constraints and opportunities in Zimbabwe. *Asian-Australasian Journal of Animal Science* 21, 1680-1688.
- Marshall, T., Slate, J., Kruuk, L., Pemberton, J., 1998.** Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular ecology* 7, 639-655.
- Merat, P., 1986.** Potential usefulness of the Na (naked neck) gene in poultry production. *World's Poultry Science Journal* 42, 124-142.
- Merat, P., 1990.** Gènes majeurs chez la poule (*Gallus Gallus*): autres gènes que ceux affectant la taille (1). *Inra Productions Animales* 3, 355-368.
- Missohou, A., Sow, R., Ngwe-Assoumou, C., 1998.** Caractéristiques morphobiométriques de la poule du Sénégal. *Animal Genetic Resources* 24, 63-69.
- Mochida, J., Benson, D.R., Abbott, U., Rucker, R.B., 1993.** Neuromorphometric changes in the ventral spinal roots in a scoliotic animal. *Spine* 18, 350-355.
- Montaigne, W., 2011.** Diversité génétique et adaptation au milieu chez les arbres forestiers tropicaux: étude chez le genre *Virola* (Myristicaceae). Université d'Antilles-Guyane, p. 178.
- Moret, L., 1966.** Manuel de paléontologie animale. Masson et Cie.
- Moula, N., 2012.** Biodiversité avicole dans les pays industrialisés et en développement: caractérisation et étude des performances de production de races gallines locales Exemple de la Belgique, de l'Algérie, du Vietnam et de la République démocratique du Congo. Ph.D Thesis, Université de Liege, p. 261.
- Moula, N., Antoine-Moussiaux, N., Farnir, F., Detilleux, J., Leroy, P., 2009.** Réhabilitation socioéconomique d'une poule locale en voie d'extinction: la poule Kabyle (Thayazit lekvaïel). *Annales de Médecine Vétérinaire* 153, 178-186.
- Moula, N., Detiffe, N., Farnir, F., Antoine-Moussiaux, N., Leroy, P., 2012.** Aviculture familiale au Bas-Congo, République Démocratique du Congo (RDC). *Livestock Research for Rural Development* 24.
- Msoffe, P.L., Mtambo, M.M., Minga, U., Juul-Madsen, H.R., Gwakisa, P., 2005.** Genetic structure among the local chicken ecotypes of Tanzania based on microsatellite DNA typing. *African Journal of Biotechnology* 4, 768-771.
- Mtileni, B., Muchadeyi, F., Maiwashe, A., Groeneveld, E., Groeneveld, L., Dzama, K., Weigend, S., 2011.** Genetic diversity and conservation of South African indigenous chicken populations. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 128, 209-218.
- Muchadeyi, F., Eding, H., Wollny, C., Groeneveld, E., Makuza, S., Shamseldin, R., Simianer, H., Weigend, S., 2007.** Absence of population substructuring in Zimbabwe chicken ecotypes inferred using microsatellite analysis. *Animal Genetics* 38, 332-339.
- Muchadeyi, F.C., Eding, H., Simianer, H., Wollny, C.B.A., Groeneveld, E., Weigend, S., 2008.** Mitochondrial DNA D-loop sequences suggest a Southeast Asian and Indian origin of Zimbabwean village chickens. *Animal Genetics* 39, 615-622.

- Mwacharo, J., Bjørnstad, G., Han, J., Hanotte, O., 2013.** The history of African village chickens: an archaeological and molecular perspective. *African Archaeological Review* 30, 97-114.
- Mwacharo, J., Bjørnstad, G., Mobegi, V., Nomura, K., Hanada, H., Amano, T., Jianlin, H., Hanotte, O., 2011.** Mitochondrial DNA reveals multiple introductions of domestic chicken in East Africa. *Molecular phylogenetics and evolution* 58, 374-382.
- Mwacharo, J., Nomura, K., Hanada, H., Jianlin, H., Hanotte, O., Amano, T., 2007.** Genetic relationships among Kenyan and other East African indigenous chickens. *Animal Genetics* 38, 485-490.
- Nabholz, B., Mauffrey, J.-F., Bazin, E., Galtier, N., Glemin, S., 2008.** Determination of mitochondrial genetic diversity in mammals. *Genetics* 178, 351-361.
- Nedjraoui, D., Bédrani, S., 2008.** La désertification dans les steppes algériennes: causes, impacts et actions de lutte. *VertigO-la revue électronique en sciences de l'environnement* 8.
- Nei, M., 1972.** Genetic distance between populations. *American naturalist*, 283-292.
- Nei, M., 1973.** Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 70, 3321-3323.
- Nikolic, N., 2009.** Diversité génétique et taille efficace chez les populations de poissons sauvages: le cas du saumon atlantique un poisson migrateur amphihaline menacé. Ph.D Thesis, Université Toulouse III, p. 301.
- Ollivier, L., Chevalet, C., Foulley, J., 2000.** Utilisation des marqueurs pour la caractérisation des ressources génétiques. *Productions Animales*, 247-252.
- Ollivier, L., Foulley, J.L., 2013.** Mesure et évolution de la diversité génétique des plantes cultivées et des animaux domestiques : Indicateurs de diversité génétique animale. Académie d'Agriculture de France. <http://www.academie-agriculture.fr/seances/mesure-et-evolution-de-la-diversite-genetique-des-plantes-cultivees-et-des-animaux>.
- Osei-Amponsah, R., Kayang, B.B., Naazie, A., Osei, Y.D., Youssao, I.A., Yapi-Gnaore, V.C., Tixier-Boichard, M., Rognon, X., 2010.** Genetic diversity of Forest and Savannah chicken populations of Ghana as estimated by microsatellite markers. *Animal science journal* 81, 297-303.
- Peakall, R., Smouse, P.E., 2012.** GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics* 28, 2537-2539.
- Petit, R.J., El Mousadik, A., Pons, O., 1998.** Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. *Conservation Biology* 12, 844-855.
- Pinard, V.D.L.M., Monvoisin, J., Pery, P., Hamet, N., Thomas, M., 1998.** Comparison of outbred lines of chickens for resistance to experimental infection with coccidiosis (*Eimeria tenella*). *Poultry science* 77, 185-191.
- Piry, S., Alapetite, A., Cornuet, J.-M., Paetkau, D., Baudouin, L., Estoup, A., 2004.** GENECLASS2: a software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity* 95, 536-539.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P., 2000.** Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-959.

- Razafindraibe, H., Mobegi, V.A., Ommeh, S.C., Rakotondravao, Bjørnstad, G., Hanotte, O., Jianlin, H., 2008.** Mitochondrial DNA Origin of Indigenous Malagasy Chicken. *Annals of the New York Academy of Sciences* 1149, 77-79.
- Reynolds, J., Weir, B.S., Cockerham, C.C., 1983.** Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics* 105, 767-779.
- Rubin, C.-J., Zody, M.C., Eriksson, J., Meadows, J.R., Sherwood, E., Webster, M.T., Jiang, L., Ingman, M., Sharpe, T., Ka, S., 2010.** Whole-genome resequencing reveals loci under selection during chicken domestication. *Nature* 464, 587-591.
- Saitou, N., Nei, M., 1987.** The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular biology and evolution* 4, 406-425.
- Schwartz, M., Vissing, J., 2002.** Paternal inheritance of mitochondrial DNA. *New England Journal of Medicine* 347, 576-580.
- Shahbazi, S., Mirhosseini, S.Z., Romanov, M.N., 2007.** Genetic diversity in five Iranian native chicken populations estimated by microsatellite markers. *Biochemical genetics* 45, 63-75.
- Sokal, R.R., 1958.** A statistical method for evaluating systematic relationships. *Univ Kans Sci Bull* 38, 1409-1438.
- Sokol, R., Rohlf, F., 1981.** *Biometry: the principles and practice of statistics in biological research.* WH Freeman Inc, San Francisco, 849.
- Somes Jr, R., 1990.** Mutations and major variants of plumage and skin in chickens. *Developments in Animal and Veterinary Sciences (Netherlands).*
- Tadano, R., Sekino, M., Nishibori, M., Tsudzuki, M., 2007.** Microsatellite marker analysis for the genetic relationships among Japanese long-tailed chicken breeds. *Poultry science* 86, 460-469.
- Tixier-Boichard, M., 1992.** L'amélioration génétique en France: le contexte et les acteurs. *INRA Production Animale Hors série "Eléments de génétique quantitative et application aux populations animales"*, 35-38.
- Tixier-Boichard, M., 2006.** Evolution du concept de ressources génétiques animales. *BRG (Ed.), Les ressources génétiques à l'orée des temps nouveaux*, p.20-21. .
- Tixier-Boichard, M., Audiot, A., Bernigaud, R., Rognon, X., Berthouly, C., Magdelaine, P., Coquerelle, G., Grinand, R., Boulay, M., Ramanantseheno, D., 2006.** Valorisation des races anciennes de poulets: facteurs sociaux, technico-économiques, génétiques et réglementaire. *Les Actes du BRG* 6, 495-520.
- Tixier-Boichard, M., Douaire, M., Beaumont, C., Elsen, J.M., 1997.** Les dispositifs de détection des gènes contrôlant les caractères quantitatifs (QTL) à l'aide de marqueurs moléculaires et leur utilisation en aviculture. 2. *Journées de la recherche avicole* (p. 41-48). Presented at 2. Journées, Tours, FRA (1997-04-08 - 1997-04-10).
- Toro, M., Caballero, A., 2004.** Characterisation and conservation of genetic diversity between breeds. *55th EAAP Annual meeting, Bled, Slovenia.*
- Vawter, L., Brown, W.M., 1986.** Nuclear and mitochondrial DNA comparisons reveal extreme rate variation in the molecular clock. *Science* 234, 194-196.
- Verrier, E., 1992.** La gestion génétique des petites populations. *Inra Productions Animales*, 265-271.

- Verrier, E., Laloe, D., de Rochambeau, H., Rognon, X., 2005.** Les outils et méthodes de la génétique pour la caractérisation, le suivi et la gestion de la variabilité des populations animales. *Ethnozootechnie*, 67-82.
- Verrier, E., Moureaux, S., Boichard, D., Dancuin-Burge, C., Avon, L., 2001.** 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. 6ième Carrefour des Productions Animales, Gembloux, 24 janvier 2001, p.43-51.
- West, B., Zhou, B.-X., 1988.** Did chickens go north? New evidence for domestication. *Journal of Archaeological Science* 15, 515-533.
- Wimmers, K., Ponsuksili, S., Hardge, T., Valle-Zarate, A., Mathur, P., Horst, P., 2000.** Genetic distinctness of African, Asian and South American local chickens. *Animal Genetics* 31, 159-165.
- Wong, G.K.-S., Liu, B., Wang, J., Zhang, Y., Yang, X., Zhang, Z., Meng, Q., Zhou, J., Li, D., Zhang, J., 2004.** A genetic variation map for chicken with 2.8 million single-nucleotide polymorphisms. *Nature* 432, 717-722.
- Yousif, F., 2012.** Contribution à l'étude des helminthes parasites du tube digestif du poulet local, (*Gallus gallus domesticus*, Linnaeus 1758) dans la région d'Oran. Université d'Oran Es Sénia, p. 154.
- Yousif, I., Eltayeb, N., 2011.** Performance of Sudanese native dwarf and bare neck chicken raised under improved traditional production system. *Agric. and Biol. J. North Ame* 2, 860-866.
- Youssao, I., Tobada, P., Koutinhoun, B., Dahouda, M., Idrissou, N., Bonou, G., Tougan, U., Ahounou, S., Yapi-Gnaoré, V., Kayang, B., 2010.** Phenotypic characterisation and molecular polymorphism of indigenous poultry populations of the species *Gallus gallus* of Savannah and Forest ecotypes of Benin. *African Journal of Biotechnology* 9.
- Zanetti, E., 2009.** Genetic, phenotypic and proteomic characterisation of local chicken breeds. Ph.D thesis, Université de Toulouse, p.107.
- Zaza, G., 1992.** Poultry and rural development in Egypt. *Proceedings of the introductory seminar on poultry development policy*, pp. 115-118.
- Zhang, X., Leung, F., Chan, D., Yang, G., Wu, C., 2002.** Genetic diversity of Chinese native chicken breeds based on protein polymorphism, randomly amplified polymorphic DNA, and microsatellite polymorphism. *Poultry science* 81, 1463-1472.
- Zhou, H., Lamont, S., 1999.** Genetic characterization of biodiversity in highly inbred chicken lines by microsatellite markers. *Animal genetics* 30, 256-264.

Annexes

Annexe 1

Article

Caractéristiques morpho-biométriques et systèmes d'élevage des poules locales en Algérie occidentale (Oranie)

Morpho-biometric characteristics and breeding systems of local chickens in the Oranie region (West Algeria)

Fatima Zohra Mahammi¹, Souheil Bachir Samir Gaouar², Nacera Tabet-Aoul³, Michèle
Tixier-Boichard⁴ et Nadhira Saïdi-Mehtar¹.

¹ Université des sciences et de la technologie d'Oran-Mohamed Boudiaf (USTO-MB),
Laboratoire de génétique moléculaire et cellulaire, BP 1505, El M'naouar, Oran, 31000,
Algérie.

² Université de Tlemcen, Département de biologie, Tlemcen, 13000 Algérie

³ Université d'Oran Es-Senia, Département de biotechnologie, Oran, 31000 Algérie

⁴ INRA, UMR1313, Génétique animale et biologie intégrative, 78352 Jouy-en-Josas cedex,
France

Mots clés : Algérie ; aviculture ; élevage ; poulet ; phénotype.

Publier autant qu'un article original au journal : Cahiers Agricultures

Annexe 2

Article

A molecular analysis of the patterns of genetic diversity in local chickens from western Algeria in comparison with commercial lines and wild jungle fowls

Fatima Zohra Mahammi¹, Semir Bechir Suheil Gaouar², Denis Laloë³, Remy Faugeras⁴, Nacera Tabet-Aoul⁵, Xavier Rognon^{3,6}, Michèle Tixier-Boichard³, Nadhira Saidi-Mehtar¹.

¹ Laboratoire de Génétique Moléculaire et Cellulaire, Université des Sciences et de la Technologie d'Oran–Mohamed Boudiaf-USTOMB, BP 1505, El M'naouer, 31000, Oran, Algérie.

² Département de biologie, Université de Tlemcen, 13000, Algérie.

³ INRA, UMR1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, Jouy-en-Josas 78352, France.

⁴ INRA, Laboratoire d'analyses génétiques pour les espèces animales (LABOGENA), Jouy-en-Josas 78352, France.

⁵ Département de Biotechnologie, Université d'Oran Es-Senia, Oran, 31000, Algérie.

⁶ AgroParisTech, UMR1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, Paris 05 F-75231, France.

Keywords: Village chickens, ecotypes, genetic diversity, structure, gene flow, Algeria.

Accepter pour publication autant qu'un article original au Journal of Animal breeding and Genetics.

Annexe 3

Liste de contrôle pour la caractérisation phénotypique des poulets

(FAO, 2013)

DIRECTIVES GÉNÉRALES

- Cette liste de contrôle est conçue comme un guide. Elle doit être adaptée à votre situation et transformée en questionnaire. Il est recommandé d'enregistrer les différentes catégories en utilisant des codes appropriés (par exemple pour le sexe : 1 = mâle, 2 = femelle, 3 = castré).
- Les mesures corporelles ne doivent être prises que sur un ensemble représentatif d'animaux adultes (âge estimé à partir de la taille de la crête et des barbillons) : environ 100 à 300 femelles et 10 à 30 mâles.
- Les mensurations sur les animaux matures doivent au moins inclure la longueur du corps, la longueur du tarse, l'envergure des ailes et le tour de poitrine, qui peuvent être pris au centimètre près à l'aide d'un mètre ruban. La pesée doit être effectuée en collectant en même temps des informations sur l'âge des animaux.
- Des informations descriptives doivent être collectées sur l'effectif et la structure habituels de l'élevage, ainsi que sur les utilisations des animaux.

VARIABLES DISCRÈTES OU QUALITATIVES

- Morphologie de la plume : normale, frisée, soyeuse
- Distribution du plumage : normal, cou nu, plumes sur les tarse et les doigts, favoris et barbe, huppe, bottes de vautour (= manchettes ; longues plumes rigides qui dépassent en arrière et en-dessous de l'articulation du pilon [jarret])
- Motif du plumage (motifs sur les plumes, en indiquant le cas échéant leur emplacement spécifique sur le corps des oiseaux) : uni, barrure (préciser si liée au sexe ou autosomale), dentelé (lacé), caillouté
- Couleur du plumage : blanc, noir, bleu, rouge, froment
- Couleur de la peau : non pigmentée (blanche), jaune, bleue-noire
- Couleur du tarse : blanc, jaune, bleu, vert, noir, brun
- Couleur des oreillons : non pigmenté (blanc), rouge, blanc et rouge
- Type de crête : unique, en pois, rosacée, en noix, en coussin, en fraise, double, double en cornes (en V), double en couronne (en coupe)
- Taille de la crête : petite, moyenne, grande
- Couleur des yeux (fréquence phénotypique, %)
- Variants squelettiques (fréquence phénotypique, %) : normal, hernie céphalique (associée à la huppe), polydactylie, doigts supplémentaires, pattes courtes, naine, sans croupion (absence de queue), ergots multiples
- Autres caractères visibles spécifiques et distincts

Annexe 3 (suite)

VARIABLES QUANTITATIVES

- Poids vif, si une balance ou pont-basculé est disponible
- Mensurations chez les mâles et les femelles adultes (à 0,5 cm près) :
 - longueur du corps (longueur entre l'extrémité du *rostrum maxillare* (bec) et celle de la *cauda* (queue, sans tenir compte des plumes) ; le corps de l'oiseau doit être étiré sur toute sa longueur,
 - tour de poitrine (pris à la pointe du *pectus* [poitrine])
 - longueur du tarse (longueur en cm du tarse depuis l'articulation avec le pilon jusqu'à l'ergot de chaque patte)
 - envergure des ailes (longueur en cm entre les extrémités des ailes droite et gauche après les avoir étirées de tout leur long)

DONNÉES AU NIVEAU DU TROUPEAU

- Tous les caractères d'adaptation connus :
 - tolérance ou résistance aux maladies et aux parasites
 - tolérance aux températures extrêmes
- Type d'exploitation : ferme paysanne, centre de sélection, exploitation commerciale, station expérimentale, station de multiplication
- Effectif du troupeau
- Composition du troupeau (proportion dans le troupeau de) : poules, poulettes, coqs, poussins
- Images typiques d'un coq et d'une poule adultes avec un arrière-plan permettant des comparaisons
- Image typique d'un troupeau avec son environnement de production habituel comme arrière-plan
- Notes sur les utilisations des animaux par ordre d'importance (par exemple la production de viande, d'œufs, de plumes, le rôle socioculturel)

DONNÉES RELATIVES À L'ORIGINE ET AU DÉVELOPPEMENT¹⁶

- Nom de la race des poulets échantillonnés
- Synonymes et noms locaux
- Contexte de ces noms
- Races connues pour être les plus étroitement liées à cette race
- Origine de la race
- Origine des animaux, s'ils sont importés (nom du pays et année(s) d'importation)
- Répartition géographique de la race (si possible géoréférencée)
- Types de communautés ou d'exploitations qui élèvent la race : éleveurs commerciaux, éleveurs de subsistance, centres de de sélection, stations expérimentales
- Estimation de l'effectif total, accompagné de l'année de l'estimation et de la source/

Annexe 3 (suite)**DONNÉES RECUEILLIES SUR LES CARACTÈRES QUI NECESSITENT DE RÉPÉTER LES MESURES**

Caractéristiques de la production d'oeufs (N, moyenne, plage de variation et écart-type) :

- Âge au premier oeuf (mois)
- Production annuelle d'oeufs
- Taille des couvées
- Intervalle entre les couvées (jours)

Caractères de qualité des oeufs (N, moyenne, marge de variation et écart-type) : Poids des œufs (g) ; Poids de la coquille (g) ; Poids de l'albumen (g) ; Poids du vitellus (g) ; Densité ; Couleur de la coquille (blanc/marron/crème ou teintée/autre) ; Index de la forme de l'oeuf

Caractéristiques de reproduction :

- Couvaison : courante, quelques fois, rarement
- Fertilité et taux d'éclosion (%) (N, moyenne, marge de variation et écart-type) :
 - Fertilité (le pourcentage de fertilité correspond au pourcentage d'oeufs fertiles parmi les oeufs produits)
 - Taux d'éclosion calculé à partir des oeufs fertiles
 - Taux d'éclosion calculé à partir de tous les oeufs produits

Caractéristiques du poids vif et de croissance :

Poids vif	Mâle			Femelle		
	Moyenne	Plage de variation	N	Moyenne	Plage de variation	N
Éclosion (g)						
8 semaines (g)						
12 semaines (g)						
Poids adulte (kg)						

Mortalité (%) (N, moyenne, plage de variation et écart-type) :

- 0 - 1 semaine
- 1 - 8 semaines
- 8 - 20 semaines
- 20 - n semaines

Caractéristiques des carcasses (N, moyenne, plage de variation et écart-type) pour les mâles et les femelles séparément :

- Âge à l'abattage
- Poids vif à l'abattage
- Poids de carcasse (éviscéré)

Annexe 4

Liste des microsatellites recommandés par la FAO pour
l'analyse moléculaire de l'espèce poule

(FAO, 2011)

CHICKEN						
Name	Chromosome	Primer sequence (5' -> 3') Forward Reverse	Annealing temperature (°C)	Genebank accession number	Allele range (bp)	Multiplex ¹ group
ADL0268	1	CTCCACCCCTCTCAGAATA CAACTTCCCATCTACCTACT	60	G01688	102-116	1
MCW0206	2	CTTGACAGTGATGCATTAATG ACATCTAGAATTGACTGTTTAC	60	AF030579	221-249	7
LEI0166	3	CTCCTGCCCTTAGCTACGCA TATCCCCTGGCTGGGAGTTT	60	X85531	354-370	3
MCW0295	4	ATCACTACAGAACACCCTCTC TATGTATGCACGCAGATATCC	60	G32052	88-106	2
MCW0081	5	GTTGCTGAGAGCCTGGTGACG CCTGTATGTGGAATTACTTCTC	60	...	112-135	2
MCW0014	6	TATTGGCTCTAGGAAGTGC GAAATGAAGGTAAGACTAGC	58	...	164-182	4
MCW0183	7	ATCCCAGTGTGAGTATCCGA TGAGATTACTGGAGCCTGCC	58	G31974	296-326	4
ADL0278	8	CCAGCAGTCTACCTTCTAT TGTCATCCAAGAACAGTGTG	60	G01698	114-126	1
MCW0067	10	GCACTACTGTGTGCTGCAGTTT GAGATGTAGTTGCCACATCCGAC	60	G31945	176-186	6
MCW0104	13	TAGCACAACCTCAAGCTGTGAG AGACTTGACACAGCTGTGTACC	60	...	190-234	5
MCW0123	14	CCACTAGAAAAGAATCCTC GGCTGATGTAAGAAGGGATGA	60	...	76-100	5
MCW0330	17	TGGACCTCATCAGTCTGACAG AATGTTCTCATAGAGTTCTCTGC	60	G32085	256-300	6
MCW0165	23	CAGACATGCATGCCAGATGA GATCCAGTCTGCAGGCTGC	60	...	114-118	5
MCW0069	E60C04W23	GCACTCGAGAAAACCTTCTGCG ATTGCTTCAGCAAGCATGGGAGGA	60	...	158-176	2
MCW0248	1	GTTGTTCAAAAAGAAGATGCATG TTGCATTAAGTGGGCACTTTC	60	G32016	205-225	1
MCW0111	1	GCTCCATGTGAAGTGGTTTA ATGTCCACTGTCAATGATG	60	L48909	96-120	3
MCW0020	1	TCTTCTTTGACATGAATTGGCA GCAAGGAAGATTTGTACAAAATC	60	...	179-185	5
MCW0034	2	TGCACGCACCTACATACTAGAGA TGCCCTTCCAATTACATTCATGGG	60	...	212-246	2
LEI0234	2	ATGCATCAGATTGGTATTCAA CGTGGCTGTGAACAAATATG	60	Z94837	216-364	3
MCW0103	3	AACTGCGTTGAGAGTGAATGC TTTCTAACTGGATGCTTCTG	64	G31956	266-270	7
MCW0222	3	GCAGTTACATTGAAATGATTCC TTCTCAAAACACCTAGAAGAC	60	G31996	220-226	2
MCW0016	3	ATGGCGCAGAAGGCAAAGCGATAT TGGCTTCTGAAGCAGTTGCTATGG	60	...	162-206	3

(cont.)

CHICKEN (cont.)

Name	Chromosome	Primer sequence (5' -> 3') Forward Reverse	Annealing temperature (°C)	Genebank accession number	Allele range (bp)	Multiplex ¹ group
MCW0037	3	ACCGGTGCCATCAATTACCTATTA GAAAGCTCACATGACACTGCGAAA	64	...	154-160	3
MCW0098	4	GGCTGCTTTGTGCTCTTCTCG CGATGGTCGTAATTCTCACGT	60	...	261-265	6
LEI0094	4	GATCTCACCAGTATGAGCTGC TCTCACACTGTAACACAGTGC	60	X83246	247-287	1
MCW0284	4	GCCTTAGGAAAACTCCTAAGG CAGAGCTGGATTGGTGTCAAG	60	G32043	235-243	...
MCW0078	5	CCACACGGAGAGGAGAAGGTCT TAGCATATGAGTGTACTGAGCTTC	60	...	135-147	6
LEI0192	6	TGCCAGAGCTTCAGTCTGT GTCATTACTGTTATGTTTATTGC	60	Z83797	244-370	...
ADL0112	10	GGCTTAAGCTGACCCATTAT ATCTCAAATGTAATGCGTGC	58	G01725	120-134	4
MCW0216	13	GGGTTTTACAGGATGGGACG AGTTTCACTCCCAGGGCTCG	60	AF030586	139-149	1

¹ All but two of the markers have been assigned to multiplex groups. Seven multiplex groups are proposed, which have been tested in the Qiagen system:

1. Multiplex Master Mix Qiagen: ADL0268 + ADL0278 + MCW0248 + LEI0094 + MCW0216
2. Multiplex Master Mix Qiagen: MCW0295 + MCW0081 + MCW0069 + MCW0034 + MCW0222
3. Multiplex Master Mix Qiagen: LEI0166 + MCW0111 + LEI0234 + MCW0016 + MCW0037
4. Multiplex Master Mix Qiagen: MCW0014 + MCW0183 + ADL0112
5. Multiplex Master Mix Qiagen: MCW0104 + MCW0123 + MCW0165 + MCW0020
6. Multiplex Master Mix Qiagen: MCW0067 + MCW0330 + MCW0098 + MCW0078
7. Hot Star Taq Master Mix Qiagen : MCW0206 + MCW0103

Annexe 5

Questionnaire utilisé pour la description du système d'élevage de la poule locale

Date de l'enquête :

A. Identification du troupeau

1- informations générales sur la zone d'étude :

- Wilaya :
- Commune
- Village

2- informations générales sur l'éleveur :

- Sexe
- Age
- Formation initiale
- Situation social
- Nombre d'enfants
- Profession

3- Type d'exploitation :

- Espèces représentées
- *Aviaires
- *Ruminants
- * Equidés
- Production.....
- * Lait, œufs, viande, fibre, Autre (préciser) ?
- *Autoconsommation, commercialisation ?

B. Historique du troupeau

1- période de création :

2- Description et origine des premiers animaux :

- Nombre
- Apparence
- Provenance

3- Introduction d’animaux depuis la création :

- Si oui, quelles est leur origine (élevage, village, wilaya) ?.....

C. Conduite du troupeau

1- Identification des animaux :

Si oui, par quel moyen ?.....

2- Taille de la population :

- Mâles : Adulte = Jeunes =
- Femelles : Adulte = Jeunes =

3- Origine des adultes actuellement présents :

4- Tendance du troupeau

- En augmentation, en déclin ou stable ?

5- Mode de reproduction :.....

- Parents connus ou non ?

6- Type de reproduction :

- Incubation naturelle ou artificielle ?.....

7- Choix des reproducteurs :

- Si oui, quels sont les critères du choix

8- Performances de production :.....

9- Mode d'élevage :

10- Alimentation :.....

11- Pathologies.....

12- Soins :.....

13- Destination des oiseaux :

14- Prédation et différents risques :

D. Remarques et suppléments fournis par l'éleveur

.....
.....
.....

Annexe 6

Fiche descriptive du phénotype de la poule locale utilisé lors de l'enquête sur le terrain

PHENOTYPE DES INDIVIDUS	
Individu N° = Tube N° =	PHOTO
Couleur du plumage	
Dessins du plumage	
Structure de la plume	
Distribution du plumage	
Couleur de la peau	
Couleur des tarse	
Couleur des yeux	
Couleur des barbillons	
Oreillons	Forme : Couleur :
Crête	Forme : Couleur :
Bec	Forme : Couleur :
Mensurations corporelles	Poids corporel : Longueur du tarse : Diamètre du tarse : Hauteur de la crête : Longueur des barbillons :

Annexe 7

Protocole d'extraction ADN avec le kit QIAGEN

- **Réactifs non fourni** : PBS et éthanol absolu.
- **Réactifs non fourni** : Buffer AL, Tampon de lavage (AW1 et AW2), Tampon AE et la PK
- **Consommables fournis** : Colonnes et tubes de centrifugation :

Protocole :

- Décongeler les prélèvements à température ambiante du laboratoire.
- Mettre 20 µl de sang décongelé dans un micro-tube de 1,5 ml étiqueté.
- Ajouter, pour chaque échantillon, 200 µl de PBS, 20 µl de protéinase K et 200 µl de tampon AL à l'échantillon
- Mélanger au vortex pendant 5-15 secondes
- Incuber les échantillons à 50 ° C pendant 10 minutes.
- Transférer le mélange dans les colonnes de centrifugation étiquetés
- centrifuger à 8000 x gravité pendant 1 minute.
- Jeter les tubes contenant le débit à travers.
- Ajouter 500µl de tampon AW1 à chaque colonne
- centrifuger à 8000 x gravité pendant 1 minute.
- Jeter le tube contenant le débit à travers.
- Ajouter 500µl de tampon AW2 à chaque colonne
- Centrifuger à 14 000 x gravité pendant 3 minutes.
- Mettez chaque colonne dans un microtube étiquetés et jeter le tube contenant le filtrat.
- Ajouter 200 ul de tampon AE à la colonne et incubé à température ambiante 1 - 5 min.
- Centrifuge à 8000 x gravité pendant 1 minute et jeter les colonnes.
- Congeler les échantillons d'ADN extrait à -20 ° C.

Annexe 8

Principe de la correction séquentielle de Bonferroni suivie d'un exemple

Principe de la correction séquentielle de Bonferroni :

La correction de Bonferroni, consiste à diviser le seuil de rejet par le nombre de tests à réaliser. Par exemple, pour un seuil global de 5% et 23 tests à faire (puisque on a étudié 23 marqueurs), on ne retiendra que les variables qui "passent" à $5\% / 23 = 0.22\%$.

Cette correction simple présente toutefois l'inconvénient d'être trop conservatrice lorsqu'il y a plus qu'une variable explicative réellement significative en lice. La tendance est actuellement de nuancer la correction de Bonferroni en la rendant séquentielle, c'est à dire en recalculant le seuil de rejet après chaque test sur la base du nombre de variables restantes. Pour un seuil global de 5% et 23 variables explicatives, la procédure est la suivante :

Niveau de signification : $\alpha = 0,05$;

K= nombre de tests ;

α' = α corrigée.

- début par la plus petite P-val : $\alpha'_1 = \alpha / k$

Si aucune variable n'est significative à α'_1 , on arrête la procédure. Si une variable peut être introduite dans le modèle, on passe au suivant.

- prochaine plus petite P-val : $\alpha'_2 = \alpha / (k-1)$

Si aucune variable n'est significative à α'_2 , on arrête la procédure. Si une variable peut être introduite dans le modèle, on passe au suivant.

- prochaine plus petite P-val : $\alpha'_3 = \alpha / (k-2)$

Si aucune variable n'est significative à α'_3 , on arrête la procédure. Si une variable peut être introduite dans le modèle, on passe au

Annexe 8 (suite)

Exemple de correction de Bonferroni pour le test de déficit en hétérozygote pour chaque marqueur dans l'écotype local des hauts plateaux (HP) :

H_1 = déficit en hétérozygote

Test	Locus	P-val (de plus petit au plus grand)	$\alpha' = 0,05/k$
1	MCW0014	0	0,05/23 = 0,0022
2	LEI0234	0	0,05/22 = 0,0023
3	MCW0183	0	0,05/21 = 0,0024
4	MCW0034	0,0015	0,05/20 = 0,0025
5	MCW0081	0,0019	0,05/19 = 0,0026
6	MCW0078	0,0029	0,05/18 = 0,0028
7	MCW0295	0,0236	
8	MCW0037	0,0517	
9	MCW0111	0,0531	
10	MCW0103	0,0831	
11	ADL0278	0,0953	
12	LEI0094	0,0995	
13	MCW0206	0,1224	
14	ADL0112	0,126	
15	LEI0166	0,1978	
16	MCW0248	0,2641	
17	MCW0330	0,2777	
18	MCW0222	0,3003	
19	MCW0067	0,3914	
20	ADL0268	0,4595	
21	MCW0216	0,5988	
22	MCW0098	0,6653	
23	MCW0069	0,8682	

P-val < α' → H_1 acceptée
↓
Déficit en hétérozygote pour ces 6 marqueurs.

P-val > α' → on arrête la comparaison à ce niveau qui donne un résultat non significatif.

P-val > α' → H_1 rejetée
↓
Déficit en hétérozygote pour ces marqueurs