

Caractérisation moléculaire des races chevalines autochtones en Tunisie

M. MEZIR HADDAD¹

B. JEMMALI^{2*}

A. BEDHIAF³

S. BEDHIAF⁴

M. DJEMALI³

¹ Fondation Nationale d'Amélioration de la race Chevaline, Sidi Thabet, Tunisie

² Ecole Supérieure d'Agriculture de Mateur, Tunisie

³ Institut National Agronomique de Tunisie

⁴ Institut National de la Recherche Agronomique de Tunisie

* Corresponding author: bornijemali@yahoo.fr

Summary - The aim of this study was to study the genetic diversity among Tunisian autochthonous horse's populations in two different geographical locations Middle East and Middle West regions of Tunisia. Nine selected microsatellite markers were used for a sample of 90 horses genotypes. The number of alleles per locus varied from two to 4 with an average of 4.16 alleles per locus. For each population the average of alleles per locus is 2,231 ; 2,154 and 2,231 for Barb horses, Arabian-barb horses and horses without origin, respectively. The mean of the observed heterozygosity (H_o) were 0,046 ; 0,039 ; 0,014 and 0,027 for Barb horses, Arabian-barb horses and horses without origin and total populations, respectively. These values were lower than expected with heterozygosity (H_e) values 0,388 ; 0,404 ; 0,432 and 0,336, respectively. The average inbreeding coefficient was 88,82% in barb horses population, 90,92% in Arabian-barb horse population and 96,64% in horses population without origin. The results of this study confirm the present classification established by phenotypical study who divide the population into two different ecotypes, apparently based on the morphological criteria et none on the alimentary criteria. These preliminary results showed that microsatellites are promising tools for horse's breed characterization. They indicated that the populations under investigation have a lower genetic variability and alarm for the high inbreeding coefficient and would be important to make a conservation scheme in situ and ex situ

Keys words : Barb, arab-barb, genetic characterization, microsatellite, Tunisia.

Résumé - Ce travail s'est intéressé à l'évaluation de la diversité et des relations phylogéniques entre les populations équines autochtones réparties sur tout le territoire de la Tunisie. Treize microsatellites ont été utilisés pour génotyper les 165 individus. Le nombre d'allèles par locus varie de 2 à 4, avec une



moyenne de 4,16 allèles par locus. La moyenne d'allèles par locus est de 2,231 ; 2,154 et 2,231 pour la population barbe, arabe-barbe et origine inconnue, respectivement. Le taux de l'hétérozygotie observée est de 0,046 ; 0,039 ; 0,014 et 0,027 pour la population barbe, arabe-barbe, origine inconnue et la population totale, respectivement. Ces valeurs sont inférieures à celles de l'hétérozygotie attendue : 0,388 ; 0,404 ; 0,432 et 0,336, respectivement. Les coefficients de consanguinité sont de 88,82 % pour la population barbe, 90,92 % pour la population arabe-barbe et 96,64 % pour la population origine inconnue. Les résultats de ce travail confirment l'existence de deux écotypes du Centre Est et du Centre Ouest et que cette séparation n'est pas seulement due aux caractères alimentaires des chevaux. Ces résultats montrent aussi que les microsatellites sont un outil prometteur pour la caractérisation de la population équine et alarme sur la nécessité de mettre en place un schéma de conservation in situ et ex situ de ces populations vue le taux élevé du coefficient de consanguinité.

Mots clés : Barbe, arabe-barbe, caractérisation génétique, microsatellites, Tunisie.

1. Introduction

La relation étroite entre l'homme et le cheval remonte à la nuit des temps. Cet animal est sans nul doute celui qui a le plus marqué l'Histoire et les progrès de l'humanité ; c'est pourquoi il occupe une place privilégiée dans de nombreux mythes et légendes ainsi que dans toutes les formes d'art.

Il existe, dans notre pays, des espèces et des races autochtones qui pourraient éventuellement contribuer à satisfaire les besoins humains plus dans le futur qu'elles ne le font actuellement. L'utilisation des ressources génétiques agricoles appropriées permet d'atteindre et de maintenir des systèmes de production durables qui soient capables de répondre aux besoins de l'homme et indispensables pour la sécurité alimentaire au niveau national et mondial.

Durant les vingt à vingt cinq dernières années, les progrès en biologie moléculaire notamment

les études concernant le matériel génétique grâce au développement de la technique de polymérisation en chaîne (PCR) ont grandement contribué au développement de la génétique moléculaire dont les informations s'intègrent de plus en plus aujourd'hui dans les schémas de sélection et de l'identification animale.

La caractérisation de nos ressources équine autochtones, à savoir le barbe et le poney des Mogods, englobe toutes actions d'identifications, de description qualitative et quantitative, à la documentation sur ces races, sur les lieux de l'élevage et des systèmes de production et d'utilisation de celles-ci. La caractérisation favorise la mise en place de prévisions fiables dans les différents environnements et les différentes utilisations éventuelles de ces races.

1.1. Origine du cheval barbe et du poney des Mogods

Originaire des pays, qui s'étendent de l'atlantique jusqu'aux confins de Tripoli, appelés autrefois barbaresque, ces chevaux ont été d'abord appelés barbares et ce n'est qu'en 1534 que la dénomination barbe est apparue (Roux, 1987).

Les premiers pas du cheval sur le sol de l'Afrique du Nord sont inconnus. Il existe plusieurs hypothèses pour définir son origine :

- Le cheval aryen fut importé par les pasteurs nomades (les Protomongols, les Aryens, les Touraniens ...) dès la plus haute antiquité en Chine, en Inde, au sud de la mer Caspienne (Moyen Orient), en Asie Mineure, en Europe et en Afrique.

Un fait historique se produit dès ce moment. Deux types de chevaux furent importés en Afrique par ces pasteurs. Un type appelé mongolique par les pasteurs et qui est à profil convexe, aux formes rondes, à la queue portée près du corps ; l'autre, appelé aryen, au profil rectiligne, au dos large, la croupe sans pente et la queue portée loin du corps. Le premier fut importé en Egypte par les Hyksos (les rois pasteurs) et les Hittites et de là se répandit jusqu'au Maghreb. Le second type aura son aire de prédilection dans les déserts situés au Sud du croissant fertile et sera appelé arabe. A côtés du cheval arabe et dès le VII^e siècle av J.C., apparaît dans les bas reliefs assyriens des chevaux à chanfrein légèrement excavé et à orbites un peu saillantes. Ancêtres probables

du cheval de l'Irak et du poney des Mogods (cheval venue avec les pasteurs nomades), il est le descendant direct du cheval aryen mais différencié par sa petite taille.

Sous l'influence des différentes invasions, la population autochtone s'est vue dans l'obligation de se retirer dans la montagne afin d'échapper au contact avec l'étranger. Ce qui a tenu à l'écart la population équine des croisements avec les races nouvellement introduites par les envahisseurs. (Dechambre, 1912).

- Piètremont (1883), a considéré que la race barbe est le fruit de plusieurs croisements entre chevaux de races orientales avec des chevaux de races germaniques. Les races orientales sont soit la race chevaline emmenée par les peuplades puniques et qui devient la souche des tribus berbères soit la race arabe dont l'apparition coïncide avec la domination musulmane. Les races germaniques ont été introduites en Afrique par les vandales en 429 quand ils s'établirent le long des côtes de Carthage.

- Sanson (1896), a défini qu'il existe une espèce chevaline africaine originaire de la Nubie qu'il a nommé *equus caballus africanus*, cette espèce se caractérise par un front moutonné et ne possédant que 5 vertèbres lombaires au lieu de 6 vertèbres comme pour les autres races. Cette race est originaire de Nubie, de l'ancienne Berberie et plus précisément de Dongola. Elle s'est répandue par la suite vers l'Afrique du Nord et l'Andalousie.

- L'Emir Abdelkader expose en 1854 l'une des traditions historiques arabes qui font que les Maghrébins soient des émigrants venant de Syrie et de Palestine et qui ont introduit la race barbe.

- Les peuples de la mer composés des Aryas et des Hyksos qui sont eux même un mélange de Mongols et de sémites abandonnèrent l'Asie centrale avec leurs chevaux de type mongolique pour s'installer dans la vallée du Nil. Refoulé par les rois de la XXème dynastie, ils déferlèrent sur la Lybie et le Sahara et fondèrent au Maghreb la civilisation Numide (Azzaroli, 1989).

- Le cheval barbe actuel dérive du cheval mongolique mélangé au cheval syrien ou arabe. Il s'est adapté au milieu par la modification de sa masse et de sa carcasse (Roux, 1987).

- Les chevaux barbe ont une origine antérieure à celle des chevaux arabes, au moins depuis 2000 ans avant J. C. Selon d'autres ils seraient les descendants d'une race aborigène, cette hypothèse s'appuie sur des découvertes paléontologiques d'une espèce caballin qui vivait dans le nord de l'Afrique à l'époque quaternaire (Roux, 1987).

- Le poney des Mogods est une miniature du cheval oriental, du pur sang arabe. Il s'est adapté au milieu montagnard et aux ressources offertes, ce qui l'a modifié et a fait diminuer sa taille (Geffroy Saint-Hilaire, 1919). Cette race s'est purifiée par la consanguinité et l'imbreding à outrance (Hosni, 1987).

1.2. Origine du cheval arabe-barbe

De 1897 à 1917, le croisement arabe-barbe a été de tout temps pratiqué en Tunisie afin d'abandonner le barbe massif, membré et rustique et produire de cheveux nerveux, délicats, au dessus mou et à la membrure frêle (Fernandez De La Vega Sedano, 1989).

Ces croisements ont été faits d'une façon irraisonnée et anarchique comme ceux pratiqué jusqu'en 1987 avec les étalons arabe occidentaux et qu'on ne souhaite plus utilisé pour notre jumenterie arabe.

1.3. Origine du cheval d'origine inconnue

Les chevaux d'origine sont des chevaux dont les parents sont inconnus. Ces chevaux peuvent être soit des chevaux barbe sans documents d'accompagnement, soit des chevaux pur sang arabe et soit des chevaux de race pur sang anglais qui étaient destinés à la réforme. C'est un amalgame de chevaux de toutes races confondus.

1.4. Origine du pur sang arabe

Pour la plupart des ethnologues, le cheval arabe est originaire du plateau central de l'Asie et il a élu domicile en Arabie avec l'émigration des peuples mongols ou Aryas. Ces derniers sont dirigés vers les régions méridionales emmenant avec eux leurs chevaux qui se sont dispersés sur les territoires de la Perse, de la Syrie, de la Russie méridionale, de la Turquie, de la Grèce, des Etats balkaniques, de la Hongrie, de l'Arabie et de l'Egypte.

Durant la période musulmane, une croyance veut que les spécimens de pur sang se rattachent tous, par leur origine, aux cinq



juments favorites du prophète à savoir Keheilan ou Kouhaylan, Seglaoui, Abeyan ou Oubayan, Hadban et Hamdani. Pour être considéré de pure race, un cheval arabe doit appartenir à l'une des ces cinq familles (Ben Hamouda, 1980).

De nos jours, les meilleurs chevaux arabes, de souches pures et anciennes, sont détenus entre les mains des bédouins du désert d'Arabie au Nejd (Les Anazeh) (Lahaye et al., 1956).

En Tunisie, l'apparition du pur sang arabe se fit avec la conquête arabo-musulmane en 646 J.C. et les effectifs se sont accrus avec les différentes invasions et migration successives ce qui a marqué la population chevaline barbe locale. La population actuelle du pur sang arabe remonte à 1881 date de l'importation de 4 juments syriennes de Pompadour pour démarrer un élevage de chevaux de courses à Sidi Thabet. Puis, il y a eu une importation d'étalons d'Egypte et de Syrie.

2. Matériels and Méthodes

Au total 165 échantillons de sang ont été prélevés au hasard des chevaux et juments dont 90 chevaux de race barbe, arabe-barbe et d'origine inconnue, 63 poneys des Mogods et 12 pur sang arabe.

Ces prélèvements ont été faites dans des tubes sous vide de 10 ml et comportant un anticoagulant de l'EDTA. L'extraction de l'ADN a été effectuée selon la méthode phenol-chloroforme.

2.1. Loci microsatellites amplifiés

Dans le cadre de ce travail, treize microsatellites équins ont été utilisés pour caractériser la variabilité génétique interpopulation de ces chevaux autochtones.

Ces marqueurs ont été choisis car ils ont été retenus dans d'autres travaux de recherche et recommandés par la FAO (2004) pour analyser la diversité équine.

Les microsatellites utilisés sont : ASB002, ASB017, HMS002, HMS003, HMS007, LEX073, SGCV28, UCDEQ425, COR058 (Chowdhary, 2003 ; Guerin, 2003) et HTG004, HTG010, AHT005 (Behl, 2006 ; Guerin, 2003), COR018 (Aberle, 2004). Puis les produits de la PCR ont subis une électrophorèse sur gel d'agarose à 2%.

2.2. Méthodes statistiques et analyses moléculaires

L'étude de la diversité génétique au sein des populations équines ont été analysée par rapport à la variabilité intrapopulation. Le but est de caractériser à partir d'un ensemble de paramètres la variabilité et la structure génétique de ces trois populations équines. Le calcul a été effectué à l'aide du logiciel PopGene version 1.31 (Yeh, 1999) et GenAlex (Peakall et al., 2006). Le dendrogramme a été construit par le logiciel NTsys ver.2.2 (Rohlf, 2002).

3. Résultats et Discussion

3.1. Nombre moyen d'allèles par locus ou diversité allélique

Le nombre moyen d'allèles observés pour les cinq populations équines est de $1,923 \pm 0,150$ allèles (Tableau. 1).

Tableau 1. Nombre d'allèles observés, nombre d'allèles efficients, hétérozygotie observée, hétérozygotie attendue (Nei) et hétérozygotie attendue non biaisée par locus pour les populations poneys des Mogods, barbe, arabe-barbe, origine inconnue et pur sang arabe.

	n_o	n_e	H_o	H_e	UHe	F
Moyenne	1,923	1,550	0,026	0,326	0,360	0,891
Ecart-type	0,150	0,119	0,007	0,027	0,030	0,024

n_o : Nombre d'allèles observés, n_e : Nombre d'allèles efficients, H_o : hétérozygotie observée, H_e : hétérozygotie attendue de Nei, UHe : hétérozygotie attendue non biaisée, F : Indice de fixation de wright.



3.2. Nombre d'allèles efficaces pour un locus

La moyenne du nombre d'allèles efficace pour ces populations est de $1,550 \pm 0,0119$ (Tableau 1).

3.3. Indice de Fixation de Wright

On note que la moyenne de l'indice de fixation est de $0,908 \pm 0,029$ et est différent de 0 et est positif et supérieur à 0,35 pour tous les loci ce qui indique un déficit d'hétérozygotie.

Tableau 2. La différenciation des individus à l'intérieur des populations (Fis), la différenciation des individus par rapport au total des populations (Fit) et la différenciation des populations par rapport au total (Fst) par locus et le flux de gènes par locus (Nm) pour les populations poneys des Mogods, barbe, arabe-barbe, origine inconnue et pur sang arabe.

	Fis	Fit	Fst	Nm
Moyenne	0,908	0,967	0,579	0,349
Ecart-type	0,029	0,011	0,073	0,126

Ce paramètre F_{ST} se définit comme étant l'hétérogénéité des fréquences allélique entre les subdivisions d'une population. La différenciation des populations par rapport au total Fst (qui a pour moyenne $0,579 \pm 0,073$) se calcule en fonction des paramètres Fis (qui a pour moyenne $0,908 \pm 0,029$) qui est la différenciation des individus à l'intérieur des populations et le Fit (qui a pour moyenne $0,967 \pm 0,011$) qui est la différenciation des individus par rapport au total des populations. Et ceci pour les 5 populations autochtones (Tableau 2)

Les valeurs du Fis varient de 0,664 pour COR018 à 1,000 pour SGCV28, UCDEQ425, HTG010 et AHT005 et celles de Fit varient de 0,902 pour le microsatellite HMS007 à 0,984 pour les microsatellites ASB002. La valeur moyenne de Fis = 0,908 indique un déficit d'hétérozygotes important au niveau des populations prises isolément et aussi dans la population globale (Fit = 0,967).

La valeur de Fit indique un déficit global d'hétérozygotes de 96,7%, en tenant compte des cinq populations étudiées. La différenciation moyenne entre les populations est de Fst = 0,579 ce qui peut être considéré comme une valeur élevée, indiquant l'origine de la variation génétique totale dans l'espèce et une nette distinction et une absence d'échanges entre les cinq populations étudiées. Et puisque la diversité génétique totale est la somme de la diversité génétique intrapopulation et de la diversité génétique interpopulation. La valeur Fst = 0,57 détermine qu'une part (43 %) de la variabilité génétique totale est expliquée par la variation intrapopulation et que 57 % de cette

variabilité est attribuée aux différences entre populations de l'espèce.

Ce niveau de différenciation génétique est très élevée par aux niveaux cités dans d'autres études pour d'autres populations équines : 2,4 % pour les races équines chinoises (Ling 2010).

3.4. Taux de polymorphisme

Le nombre de loci polymorphes pour les poneys des Mogods est de 13 loci et le taux de polymorphisme des loci est de 100%. Tous les microsatellites utilisés pour la caractérisation de ces cinq populations sont polymorphes.

3.5 Coefficient de consanguinité

Le coefficient de consanguinité des populations poney des Mogods, barbe, arabe-barbe, origine inconnue et pur sang arabe analysées est de 0,9202 ce qui est relativement très élevée.

3.6. Hétérozygotie observée

La valeur moyenne de l'hétérozygotie observée chez 5 populations équines autochtones analysées est de $0,026 \pm 0,07$ (Tableau 1).

3.7. Hétérozygotie attendue (Nei)

La valeur moyenne de l'hétérozygotie attendue chez 5 populations équines autochtones analysées est de $0,326 \pm 0,026$ (Tableau 1).



3.8. Identité génétique

On constate que les valeurs d'identité génétique entre les écotypes des populations barbe, arabe-barbe et origine inconnue sont très élevées ce qui reflète que ces populations sont proches génétiquement. Pour le cas du poney des Mogods, on remarque que la

population de Bazina et de Nefza sont proches mais sont très éloignés des autres populations autochtones analysées. La population pur sang arabe est très éloignée de toutes les autres populations (Tableau 3).

Tableau 3. Identité génétique par paire de population.

	AB CE	AB CW	B CE	BCW	OI CE	OI CW	PM NEF	PM BAZ	AR
AB CE	1,000								
AB CW	0,537	1,000							
B CE	0,661	0,292	1,000						
BCW	0,449	0,291	0,391	1,000					
OI CE	0,713	0,732	0,631	0,417	1,000				
OI CW	0,662	0,583	0,506	0,380	0,633	1,000			
PM NEF	0,015	0,000	0,029	0,012	0,006	0,015	1,000		
PM BAZ	0,014	0,017	0,021	0,000	0,029	0,023	0,587	1,000	
AR	0,027	0,011	0,013	0,017	0,018	0,026	0,008	0,094	1,000

PM NEF : Poney des Mogods de Nefza, PM BAZ : Poney des Mogods de Bazina, B CE : Barbe du centre est, B CW : barbe du centre ouest, AB CE : Arabe-barbe du centre est, AB CW : arabe-barbe du Centre ouest OI CE : Origine inconnue du centre est, OI CW : Origine inconnue du centre ouest, Ar : pur sang arabe

3.9. Distance génétique

Le calcul de la distance génétique a été élaboré entre les cinq populations équinées autochtones vue le nombre bas de l'effectif de certains écotypes. On constate que les valeurs de la distance génétique entre les populations barbe, arabe-barbe et origine inconnue sont très faibles ce qui indique que ces populations sont très proches génétiquement. On remarque que la population de chevaux dont l'origine est inconnue est très proche aussi bien des chevaux arabe-barbe que des chevaux barbe.

Ce qui fait de cette population un éventuel réservoir de chevaux à inscrire à titre initial pour la population barbe ou arabe-barbe. Pour le cas du poney des Mogods, on remarque que cette population est éloignée des autres populations autochtones analysées. Mais la population pur sang arabe est un peu plus proche de la population poney des Mogods que des autres populations ceci peut s'expliquer par l'origine commune du poney des Mogods et du pur sang arabe (Tableau 4).

Tableau 4. Distance génétique par paire de population.

Population	AB	B	OI	PM	AR
AB	0,000				
B	0,282	0,000			
OI	0,146	0,178	0,000		
PM	0,983	0,972	0,970	0,000	
AR	0,980	0,982	0,981	0,912	0,000

PM : Poney des Mogods, B : Barbe, AB : Arabe-barbe, OI : Origine inconnue, Ar : pur sang arabe

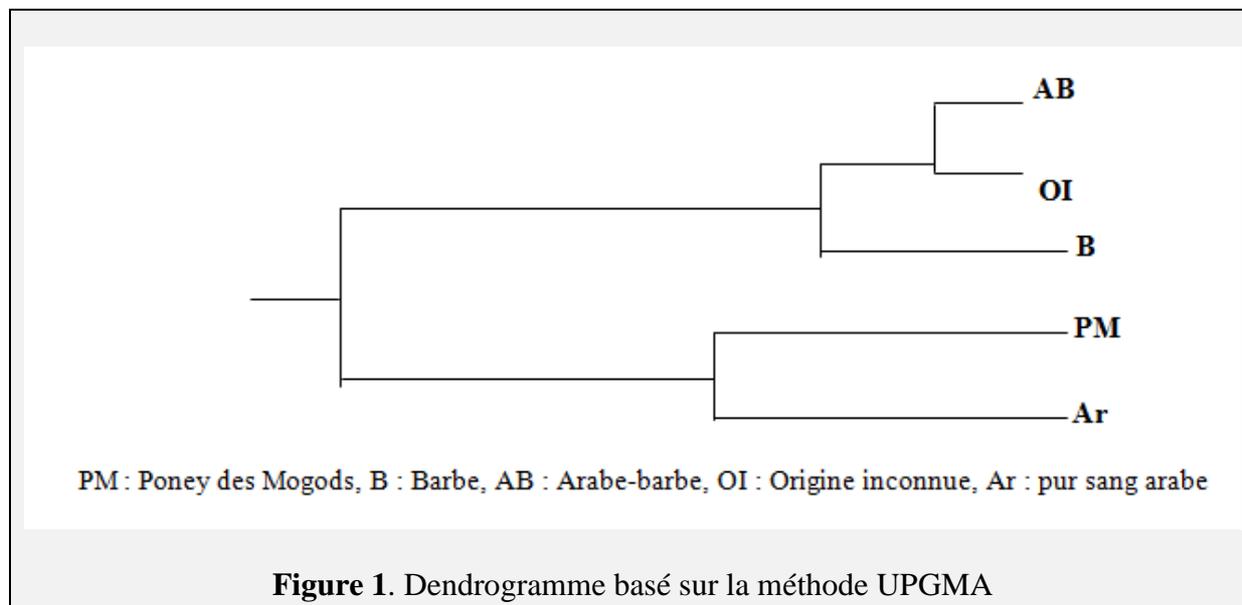


Flux des gènes

Le flux de gènes entre les chevaux de race barbe, arabe-barbe, les chevaux d'origine inconnue, les poneys des Mogods et du pur sang arabe a pour moyenne $0,349 \pm 0,126$. Ce flux traduit un échange de gènes faible entre les cinq populations analysées (Tableau 2).

Dendrogramme

Le dendrogramme de ses populations équines (figure 1) a été élaboré en ne tenant pas compte des écotypes de chaque population vue le faible nombre de leur effectifs.



L'examen du dendrogramme des cinq populations équines analysées permet de distinguer deux groupes principaux qui, à leur tour, présentent des sous-groupes. L'analyse de l'arbre montre que le regroupement des individus se fait indépendamment de l'origine géographique et de la race.

Le premier groupe est composé d'un sous-groupe qui regroupe la population arabe-barbe et la population origine inconnue qui sont plus proches par rapport à la population barbe. On constate que ces trois populations ont un proche ancêtre commun.

Le deuxième groupe composé par la population poney des Mogods et de la population pur sang arabe. Ces deux populations sont éloignées génétiquement mais ont un ancêtre commun très éloigné.

La diversité totale a été décomposée en deux parties liées à la diversité de chaque population et sa différenciation par rapport au reste des populations. Fis, qui est la différenciation des individus intrapopulation a pour valeur 0,813 et Fit qui est la différenciation des individus par rapport au total des populations équines autochtones et a pour moyenne 0,865. Fst, qui représente la corrélation entre les allèles à

l'intérieur d'une sous-population par rapport à l'ensemble des sous-populations, est à pour moyenne 0.649 ce qui représente une différenciation très importante et la présence de subdivisions claires entre les races barbe, arabe-barbe, chevaux d'origine inconnue, poneys des Mogods et pur sang arabe. De plus, cet indice de Wright est différent de 0 ce qui signale un non respect des hypothèses de l'équilibre de Hardy-Weinberg.

Cette différenciation très importante est due à la séparation géographique et de l'utilisation des différentes populations. La valeur Fst (0.649) démontre qu'une grande partie de (35,1%) de la variabilité génétique totale est expliquée par la variation intra population.

Ces cinq populations présentent un indice de fixation (Fis) positifs et a pour moyenne $0,928 \pm 0,018$. Cet indice traduit un déficit en hétérozygotes car tous les microsatellites présentent des FIS supérieurs à 0,35 dans toutes les populations analysées. Les cinq populations poney des Mogods, barbe, arabe-barbe, origine inconnue et pur sang arabe présentent des taux de consanguinité dont les valeurs sont respectivement 99,26%, 88,82%, 90,22%, 96,64% et 87,10%. Il est bien connu

que la consanguinité (accouplement entre un individu et ses ascendants, ses collatéraux et/ou ses descendants) modifie les fréquences génotypiques. La conséquence en est une perte de variabilité génétique au cours des générations. Le second facteur pourrait être inhérent à l'existence d'allèles nuls, allèles ne donnant lieu par PCR à aucune amplification. Une délétion au niveau des amorces ou une mutation dans les séquences flanquantes du microsatellite pourraient entraîner la présence d'allèles nuls. Enfin, le dernier facteur fait référence à la présence de sous-populations à l'intérieur de chaque population (région).

Le nombre d'allèles observé par locus est plus élevé que le nombre d'allèles efficient par locus ce qui traduit une richesse allélique au sein de ces populations.

Le taux d'hétérozygotie observé ($0,026 \pm 0,07$) pour l'ensemble des populations autochtones est très bas par rapport à l'hétérozygotie attendue ($0,326 \pm 0,027$) calculée sous l'hypothèse de l'équilibre Hardy Weinberg. Ceci qui indique un taux de consanguinité élevée au sein de ces populations.

Le flux de gènes, c'est-à-dire l'échange de gènes entre les différentes populations, est de $0,349 \pm 0,126$. Ce qui est relativement bas. Puisque ces populations autochtones sont séparées par des barrières géographiques et naturelles, par des barrières d'utilisations et de nécessité de l'éleveur.

Nous avons utilisés 13 microsatellites équins ASB002, ASB017, COR058, HMS002, HMS003, HMS007, HTG004, LEX073, SGCV28, UCDEQ425, AHT005, COR018 et HTG010. Parmi ces microsatellites, nous notons l'existence de 5 microsatellites, ASB017, HMS002, HTG004, LEX073 et SGCV28 qui sont communs aux 5 populations équines. Nous remarquons l'existence d'un microsatellite UCDEQ425 qui est communs aux populations barbe, arabe-barbe et poneys des Mogods. Un microsatellite HMS003 est commun aux populations barbe, arabe-barbe et pur sang arabe et 2 microsatellites ASB002 et HTG010 communs aux poneys des Mogods et aux chevaux pur sang arabe.

La caractérisation moléculaire des poneys des Mogods nous a révélé l'existence de microsatellites qui peuvent être amplifiés par l'ADN des poneys des Mogods et pas par

l'ADN des autres populations étudiées et qui sont AHT005 et COR018.

Le dendrogramme UPGMA élaboré par PopGene des cinq populations autochtones analysées à savoir la population poneys des Mogods et la population barbe et arabe-barbe nous révèle la séparation totale de la population poney des Mogods des autres populations. Cette subdivision infirme l'hypothèse que les poneys des Mogods sont des individus issus des chevaux barbe.

L'analyse de l'identité génétique et de la distance génétique entre la population des poneys des Mogods et la population pur sang arabe confirme l'hypothèse que ces deux populations sont issues d'un ancêtre commun qui est le cheval aryen. De ce fait, la population poney des Mogods pourra être celle qui se distingua au VII^e siècle av J.C. par une population dont la description y ressemble étrangement. Et vue que l'identité et la distance génétique sont calculées selon la méthode de Nei qui se base sur le calcul de la fréquence allélique. Et que ce calcul des fréquences alléliques est tributaire du nombre des individus analysé. Les résultats confirment bien ce fait historique.

Ces résultats confirment bien que la population barbe et poney des Mogods de l'Afrique du Nord sont deux populations équines indépendantes et qui représentent les autres types de chevaux monté par les Aryens raconté par les historiens. Auparavant, il existait un fait bien établi qui est l'absence du cheval durant la période préhistorique. Celui-ci n'aurait été introduit qu'au cours du 4^{ème} millénaire (Alimen, 1955). Mais grâce à des fouilles archéologiques effectuées en Algérie, on a abouti à l'identification de deux restes osseux de l'espèce caballine, *Equus algericus*, situés au Sud Est de Tiaret et à Hydra aux environs d'Alger. Ces restes osseux datent de l'âge Epipaléolithique et de l'âge Atérien (10 800 ans avant notre ère) (Chaid-Saoudi Y, 1988). Ces découvertes confirment la présence d'une souche locale de chevaux en Afrique du Nord. La plus ancienne représentation de l'art rupestre de l'Afrique du Nord font état de gravures de chevaux dans l'Atlas Saharien ce qui conforte l'hypothèse de l'existence d'une espèce caballine en Afrique du Nord (Gautier E. P., 1952). Ces découvertes archéologiques

confirment bien l'hypothèse de la venue des Aryens et des Hittites sur leurs chevaux des plaines de l'Asie Centrale pour fournir à notre pays nos deux populations équines autochtones le barbe et le poney des Mogods.

L'identification moléculaire de la population poney des Mogods et la détermination de microsatellites qui ne sont amplifiés que dans cette population permettra l'identifier des individus ainsi que leur inscription à titre initial dans le stud-book du poney des Mogods. Ceci permettra de former un noyau de conservation *in situ* et *ex situ* des poneys des Mogods. Cette identification génétique de la population permettra de mieux sélectionner au sein de la population existante les poneys des Mogods qui peuvent être considérés comme étant de race pure et éliminer les individus de première ou deuxième génération issue de croisement avec les autres races chevalines. Cette race doit être reconnue, mieux gérée du point de vue de l'organisation de la monte publique et mieux encouragée par l'octroi d'incitations financières diverses afin d'aider l'éleveur à mieux exploiter l'élevage de sa jument.

Les résultats obtenus quant à l'identification et l'analyse de la diversité génétique du poney des Mogods nous incitent et expressément à mettre en place un schéma de conservation des poneys des Mogods vu son importance tant socio-économique, que culturelle qu'agrobiologique. Ce schéma se basera sur l'inscription à titre initial des poneys après leur identification morphologique et leur caractérisation moléculaire en se référant aux microsatellites spécifiques.

La caractérisation moléculaire des chevaux barbe et arabe-barbe nous a permis d'identifier des microsatellites qui sont amplifiés que par ces populations à savoir HMS007 et COR058.

L'analyse des paramètres génétiques interpopulation nous donne une grande diversité et hétérogénéité entre ces populations équines autochtones ce qui confirme leurs singularités et permet ainsi leur différenciation tant phénotypique que génétique.

L'analyse de la distance génétique entre les paires des populations équines analysées indique que la population dont l'origine est inconnue est plus éloignée de la population barbe que de la population arabe-barbe. Il

existe une distance génétique plus élevée entre les chevaux barbe et arabe-barbe. Concernant les chevaux de race pur sang arabe, nous remarquons une individualisation complète de cette race par rapport aux autres races autochtones avec une distance génétique élevée. Toutes ces distances génétiques confirment l'existence d'une barrière qui isole la reproduction entre les différentes races équines.

Cette caractérisation moléculaire et l'identification génétique des chevaux barbe et arabe-barbe nous permet dans un premier lieu d'inscrire à titre initial les chevaux dont l'origine est inconnue avec une confirmation morphologique et moléculaire, dans un second lieu d'expertiser les chevaux d'origine douteuse et qui ont été inscrits à titre initial en se basant que sur leurs caractères morphologiques et en dernier lieu d'identifier la parenté et de vérifier l'origine des chevaux créés à partir des chevaux barbe. Ce travail peut être effectué à l'échelle nationale et internationale.

Les chevaux d'origine inconnue forment une hétérosis et une réserve de chevaux qui peuvent être inscrits à titre initial en tant que race barbe ou arabe barbe selon le résultat de la caractérisation moléculaire.

4. Conclusion

Pour ce qui est de la caractérisation moléculaire de la population barbe, celle-ci a confirmée l'existence d'une subdivision génétique de deux écotypes définie précédemment d'une manière phénotypique, l'écotype du Centre Est et l'écotype du Centre Ouest. Ces deux écotypes crues au précédemment comme étant due à la nature du terrain et à l'alimentation des chevaux s'est avérée être d'origine génétique. L'évaluation génétique de la population barbe analysée a fait ressortir un taux d'homozygotie et une consanguinité élevée au sein de cette population, d'où un besoin urgent de conservation et d'une gestion génétique adéquate.

5. Références

- Aberle, K S Hamann, H Drogemuller C and Distl O (2004)** Genetic diversity in German draught horse breeds compared with a group of primitive, riding and wild horses by means of micro satellite DNA markers. *Animal Genetics*, 35: pp270-277.
- Alimen H (1955)** Le cheval in : Préhistoire de l'Afrique. Ed : Bondé et Cie, pp35-40.
- Azzaroli A (1989)** La cavalerie Numide. In. Tous les textes officiels sur le cheval barbe. Ed : Favre, Lausanne, Suisse, pp40-46.
- Behl R Behl J Gupta N Gupta SC Ahlawat SPS Ragnekar M and Ahmed Z (2006)** Genetic characterization of Zanskari breed of horse. *Journal of Genetics*, Vol. 85, No. 3, pp199-2003.
- Ben Hamouda M (1980)** Le cheval en Tunisie. Thèse pour le Doctorat Vétérinaire. Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, France :116p.
- Chaid-Saoudi Y (1988)** La préhistoire du cheval en Afrique du Nord. *Maghreb vétérinaire*, Vol 3, N°14, p7.
- Chowdhary BP Raudsepp T Kata S R Goh G Millon LV Allan V Piumi E Guerin G Swinburne J Binns M Lear TL Mickelson J Murray J Antczak DE Womack JE and Skow LE (2003)** The first-generation whole-genome radiation hybrid map in the horse identifies conserved segments in human and mouse genomes. *Genome Res*. 13(4), pp742-751.
- Dechambre P (1912)** Les équidés. In. *Traité de zootechnie*. Tome II. Ed : Charles Amat Librairie-Editeur et Asselin & Houyzeau Librairies, France, pp136-270.
- Fernandez de La Vega Sedano J (1989)** Analogies et différences entre le barbe et l'espagnol. In. Tous les textes officiels sur le cheval barbe. Ed : Favre, Lausanne, Suisse, pp94-101.
- Gautier EF (1952)** Le Cheval faune immigrée In: *Le passé de l'Afrique du Nord*. Edf Payot, pp 188-190.
- Geoffroy Saint-Hilaire H (1919)** Espèce Chevaline en Tunisie. In. *L'élevage dans l'Afrique du Nord*. Maroc, Algérie, Tunisie. Ed : Augustin Challamel. France, pp101-175.
- Guerin G Bailey E Bernoco D Anderson I Antczak DF Bell K Biros I Bjornstad G Bowling ATR Brandon AR Caetano G Cholewinski D Colling M Eggleston N Ellis J Flynn B GralakHasegawa T Ketchum M Lindgren G Lyons LA Millon LV Mariat D Murray J Neau AA Roed K Sandberg K Skow LC Tammen I Tozaki T Van Dyk E Weiss B Young A and Ziegler J (2003)** The second generation of the International Equine Gene Mapping Workshop half-sibling linkage map. *Anim Genet*. 34(3), pp161-168
- Hosni H (1987)** Situation du cheval Barbe en Tunisie. Tous les textes officiels sur le cheval Barbe. Paris, France, Caracole, p194.
- Lahaye J Marcq J et Cordiez E (1956)** Le cheval. Tome II. Librairie Agricole de la Maison Rustique, Paris : 724p.
- Peakall R Smouse PE (2006)** GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6, pp288-295.
- Pietrement CA (1883)** Les chevaux dans les temps préhistoriques et historiques. Librairie Germer Baillière et Cie, France. 776p.
- Rohlf FJ (2002)** NTSYSpc: Numerical Taxonomy System, ver. 2.1. Exeter Publishing, Ltd.: Setauket, NY. Sokal, R.R and P.H.A. Sneath. 1963. *Principles of Numerical Taxonomy*. Freeman San Francisco. 359p.
- Roux EJ (1987)** Le cheval Barbe. J. Maisonneuve. France. 173p
- Sanson A (1986)** *Traité de Zootechnie ou économie du bétail*. 1896. Tome 1. Zoologie et zootechnie générale, organisation, fonctions physiologiques et hygiène des animaux domestiques agricoles. IN12 ½ basane-dos lisse-leg. Rousseurs. 448p.
- Yeh FC Yang RC Boyle TBJ Ye Z-H and Mao JX (1997)** POPGENE, the user-friendly Shareware for Population Genetic Analysis. *Molecular Biology and Biotechnology Centre*, University of Alberta, Canada.
- Zabck T Nogaj A Radko A Nogaj J and Slota E (2005)** Genetic variation of Polish endangered Bilgoraj horses and two common horse breeds in microsatellite loci. *J. Appl Genet* 46 (3), pp 299-305.