



Research

open access

Diversité Génétique de la population des Poneys des Mogods du Nord Ouest de la Tunisie.

M. MEZIR HADDAD ¹
B. JEMMALI ²
A. BEDHIAF ³
S. BEDHIAF ⁴
M. DJEMALI ³

¹ FONDATION NATIONALE D'AMELIORATION DE LA RACE CHEVALINE, TUNISIE

² Laboratoire ADIPARA, Département des Sciences et des Techniques de la Production Animale, ECOLE SUPERIEURE D'AGRICULTURE DE MATEUR, Université de Carthage, TUNISIE

³ INSTITUT NATIONAL AGRONOMIQUE DE TUNIS

⁴ INSTITUT NATIONAL DE LA RECHERCHE AGRONOMIQUE DE TUNISIE

Summary - The aim of this study was to estimate the genetic diversity among Mogod's pony of Tunisia. Ten selected microsatellites markers were used for a sample of 63 Mogod's pony genotypes. The number of alleles per locus varied from 2 to 6 with an average of 4.231 alleles per locus. For the whole population, the average of alleles per locus was 3,385. The mean of the observed heterozygosity (H_o) was 0.004. This value was lower than expected with heterozygosity (H_e) value 0,508. The average inbreeding coefficient was 99.26% in Mogod's pony population. Results of this study showed that Mogod's pony population has two different ecotypes and indicated that the population has a low genetic variability and very high inbreeding coefficient. An urgent design of conservation scheme is highly recommended.

Keys words : Mogod's, genetic, microsatellites, Tunisia.

Résumé : L'évaluation de la diversité génétique au sein de la population poney des Mogods de Bazina et de Nefza. Dix microsatellites pour un total de 63 individus a été utilisés. Le nombre d'allèles par locus a varié de 2 à 6, avec une moyenne de 4,231 allèles par locus. La moyenne d'allèles par locus était de 3,385. Le taux de l'hétérozygotie observée était de 0,004. Ces valeurs sont inférieures à celles de l'hétérozygotie attendue : 0,508. Le coefficient de consanguinité était élevé de 99,26 %. Les résultats de ce travail ont identifié l'existence de deux écotypes différenciés génétiquement entre la région de Bazina et de Nefza. La nécessité de mettre en place un schéma de conservation in situ et ex situ de cette population est recommandée.

Mots-clés : Mogods, génétique, microsatellites, Tunisie.

1. Introduction

La population poney des Mogods est localisée au Nord Ouest de la Tunisie, au dessus de la dorsale dans les régions montagneuses de Khemirs et Mogods. Cette région est constituée par une étroite bande qui occupe presque toute la partie septentrionale.

Cette population joue des rôles importants pour les habitants de ces régions montagneuses. Les chevaux sont utilisés pour le transport de personnes, de bois, de tabac, d'eau sur des sentiers accidentés et abrupts. Ils sont exploités dans les travaux agricoles, le labour et la traction de petites carrioles.

Les chevaux représentés sur les mosaïques romaines avec des grosses croupes et à allure lourde, ayant une tête fine et des membres effilés et sont court sur pattes sont des poneys des Mogods et non pas des « pur sang arabe » (Bernard L, 1906). L'origine de la population du poney des Mogods en Tunisie est encore non établie.

2. Matériel et méthodes

2.1. Matériel animal

Les prélèvements de sang ont été effectués dans la région de Bazina, Bizerte et la région de Nefza à Béja. Les échantillons ont été prélevés sur des juments inscrits dans le standard de la race poney des Mogods et dont la hauteur au garrot ne dépassant pas les 140 cm (Haddad, 2003). Au total, 63 échantillons de sang ont été prélevés au hasard dont 50 juments sont de Bazina, 11 juments de Nefza et 02 mâles étalons nationaux du haras El Battan.

2.2. Analyses moléculaires

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

Dix microsatellites équins ont été utilisés pour caractériser la variabilité génétique de la population poney des Mogods. Les marqueurs choisis sont ASB002 et ASB017 (Guerin, 2003), HMS002, HTG004, UCDEQ425, HTG010 et AHT005 (Behl, 2006), LEX073 et COR018 (Aberle, 2004), SGCV28 (Faber, 2004). Les microsatellites et les échantillons d'ADN ont été amplifiés par PCR puis ont subi une électrophorèse sur gel d'agarose à 2%.

2.3. Méthodes statistiques

L'étude de la diversité génétique de cette population équine s'est basée sur la variabilité intrapopulation. L'analyse bioinformatique a été effectuée 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 observé pour les poneys des Mogods issus de la région de Nefza était de $1,462 \pm 0,332$ allèles pour 12 poneys et de $3,846 \pm 0,649$ allèles pour les 50 poneys de Bazina. Pour la population globale, le nombre moyen d'allèles observé pour les 63 poneys des Mogods était de $4,231 \pm 0,752$ allèles (Tableau 2).

3.2. Frequence allélique :

La distribution des allèles a varié de 3 allèles pour les microsatellites ASB017 et UCDEQ425 à 6 allèles pour le microsatellite HTG010.

3.3. Test de l'équilibre de Hardy-Weinberg :

On remarque que certains loci sont en écart significatif par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg en ce qui concerne la population poney des Mogods de Nefza et de Bazina. Tous les microsatellites sont en écart par rapport à cet équilibre pour la population totale. La population poney des Mogods de Bazina est monomorphe pour les microsatellites HMS003 et HMS007. Par contre celle de Nefza est monomorphe pour les microsatellites UCDEQ425, HTG010, AHT005, COR058, HMS002, HMS003 et HMS007 (Tableau 1).

Tableau 1. Test de l'équilibre de Hardy-Weinberg de la population poney des Mogods.

Locus	Poney des Mogods		
	Bazina	Nefza	Total
ASB17	***	*	***
COR058	**	**	***
HMS002	***	ns	***
HMS003	Ns	ns	***
HMS007	**	**	***
HTG004	***	ns	***
LEX073	**	*	***
SGCV28	***	*	***
UCDEQ425	***	***	***
HTG010	***		***
AHT005	*		**
ASB002	*	ns	**
COR018	***	ns	***

ns=non significatif, * P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

3.4. Nombre d'allèles efficaces pour un locus :

La moyenne du nombre d'allèles efficaces pour les 63 échantillons d'ADN de poneys des Mogods était de $3,155 \pm 0,658$. La moyenne des

nombre d'allèles efficaces pour les poneys des Mogods issus de Nefza était de $1,325 \pm 0,301$ et celle de Bazina était de $2,993 \pm 0,560$ (Tableau 2).

Tableau 2. Nombre d'allèles observés, nombre d'allèles efficaces, hétérozygotie observée, hétérozygotie attendue (Nei), hétérozygotie attendue non biaisée et Indice de Fixation par locus pour les poneys des Mogods.

Pop	Locus	Na	Ne	Ho	He	UHe	Fis
Poney des Mogods Nefza	Moyenne	1,462	1,325	0,019	0,211	0,245	0,771
	Ecart-Type	0,332	0,301	0,019	0,083	0,097	0,142
Poney des Mogods Bazina	Moyenne	3,846	2,993	0,000	0,550	0,585	1,000
	Ecart-Type	0,649	0,560	0,000	0,090	0,096	0,000
Population totale	Moyenne	4,231	3,155	0,004	0,548	0,574	0,989
	Ecart-Type	0,752	0,658	0,004	0,092	0,097	0,010

Na : nombre d'allèles observés, Ne : nombre d'allèles efficaces, H_0 : hétérozygotie observée, H_e : hétérozygotie attendue de Nei, UH_e : hétérozygotie attendue non biaisée, Fis : Indice de fixation.

3.5. Indice de Fixation de Wright :

On note que l'indice de fixation était égale à 1 pour les loci HTG004, LEX073, SGCV28, ASB002 et était de - 0,143 pour le locus COR018 et ceci pour la population poney des Mogods issus de Nez est la valeur moyenne de l'indice était de $0,771 \pm 0,142$. Pour ce qui est de la population de Bazina, la valeur de l'indice de fixation était égale à 1 pour les loci ASB017,

HMS002, HTG004, LEX073, SGCV28, UCDEQ425, HTG010, AHT005, ASB002, et COR018. La valeur de l'indice de fixation était égale à $0,989 \pm 0,010$ pour la population globale de poneys des Mogods ce qui représente le cas d'autofécondation entre les individus (Tableau 3).



3.6. Coefficient de consanguinité :

Le coefficient de consanguinité pour la population poney des Mogods analysée était de 0,9926 ce qui est relativement très élevée. Le coefficient de consanguinité de la population poney des Mogods de Nefza analysée était de 0,9086. Pour ce qui est de la population poney des Mogods issue de Bazina analysée, le coefficient de consanguinité était égal à 1. D'où une grande consanguinité de cette population poney des Mogods due au choix du même étalon et à un système de reproduction confiné dans le douar.

3.7. Taux de polymorphisme :

Le nombre de loci polymorphes pour les poneys des Mogods était de 10 loci et le taux de polymorphisme des loci était de 76,92%. En ce qui concerne la population poney des Mogods de Nefza analysée, le nombre de loci polymorphe était de 5 et le taux de polymorphisme des loci était de 38.46 %. Pour ce qui est de la population poney des Mogods de Bazina analysée, le nombre de loci polymorphe était de 10 et le taux de polymorphisme des loci était de 76.92 %.

3.8. Hétérozygotie observée :

La valeur moyenne de l'hétérozygotie observée chez les 63 échantillons d'ADN de poneys des Mogods analysés était de $0,004 \pm 0,004$. L'hétérozygotie observée était de $0,019 \pm 0,019$ pour la population de Nefza et elle était de 0,000 pour la population de Bazina. Le taux d'hétérozygotie observée était de 0,4 %, ce qui est très bas par rapport à celui de Spiti horse qui est de 68,38% (Mamta, 2004) (Tableau 3).

3.9. Hétérozygotie attendue (Nei) :

La valeur moyenne de l'hétérozygotie attendue selon Nei chez les 63 échantillons d'ADN de poneys des Mogods analysés était de $0,548 \pm 0,092$. La valeur moyenne de l'hétérozygotie attendue pour les poneys issus de Nefza était de $0,211 \pm 0,083$ et celui des poneys de Bazina était de $0,550 \pm 0,090$ (Tableau 3)

3.10. Hétérozygotie attendue non biaisée (Nei) :

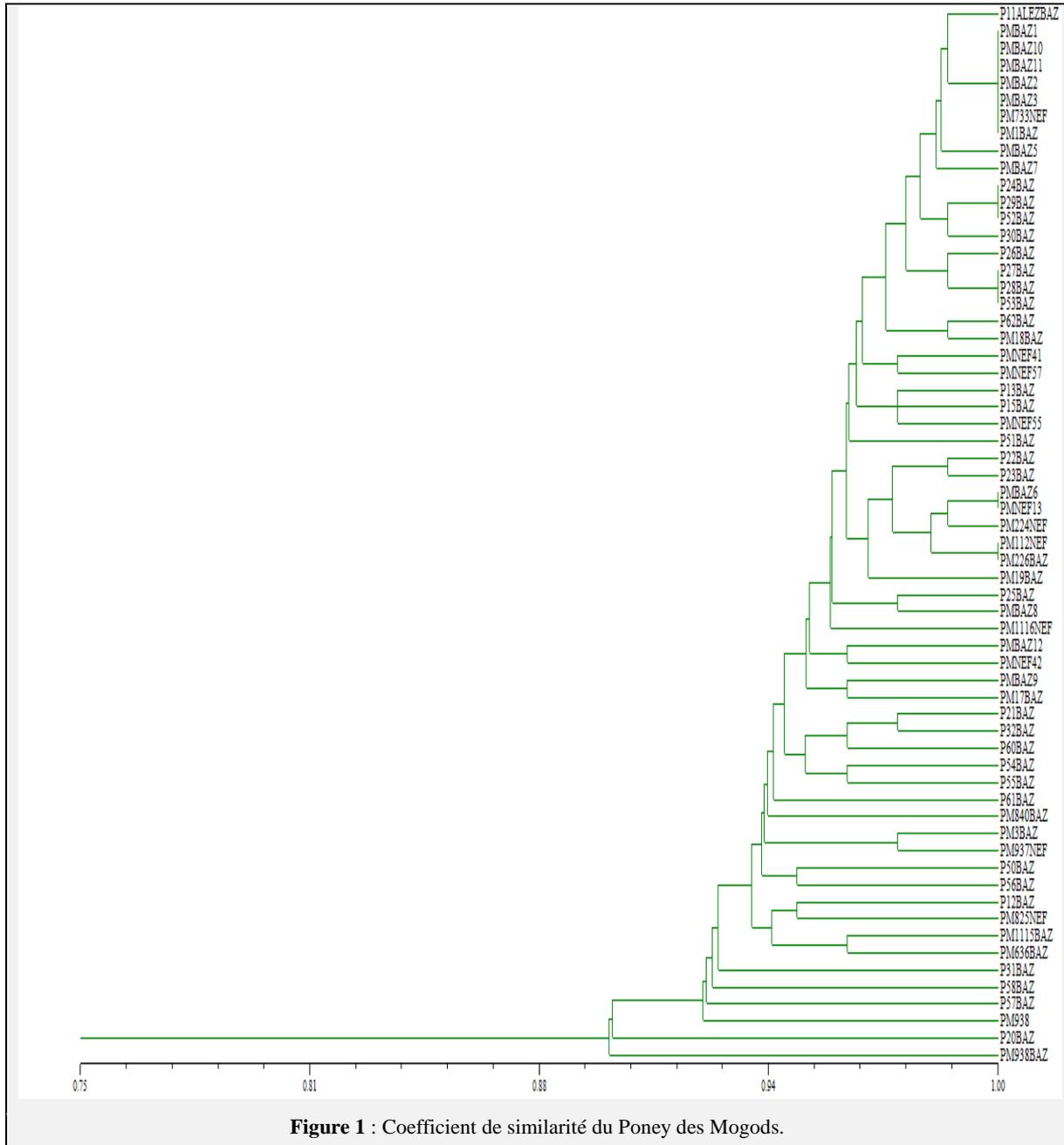
La valeur moyenne de l'hétérozygotie attendue non biaisée chez les 63 échantillons d'ADN de poneys des Mogods analysés était de $0,574 \pm 0,097$. La valeur moyenne de l'hétérozygotie attendue non biaisée pour les 13 poneys issus de Nefza était de $0,245 \pm 0,097$ et celui des cinquante poneys de Bazina était de $0,585 \pm 0,096$ (Tableau 11)

3.11. Dendrogramme

Les individus poneys des Mogods sont bien individualisés et les unités évolutives se sont regroupées selon les régions de Bazina et Nez ce qui confirme le taux d'homozygotie. On remarque aussi que selon les régions, les unités évolutives hypothétiques sont plus nombreuses ce qui indique une distance génétique plus courte entre les individus.

Même si le coefficient de similarité est de 90% on note une variabilité génétique importante au sein de la population poney des Mogods.

La séparation géographique de la population poney des Mogods issue de la région de Bazina et celle de Nefza a présentée une influence sur l'équipement génétique des individus puisque ceux-ci se sont mis par paquets issus d'une même région (Figure 1). Ce qui a permis l'existence de deux écotypes poneys des Mogods, écotype Bazina et écotype Nefza.



3.12. Discussion

Les microsatellites utilisés pour la caractérisation moléculaire des poneys des Mogods sont très polymorphes en engendrant 10 loci polymorphes, un taux de polymorphisme de 76,92% et une individualisation des individus au sein du dendrogramme de la détermination du coefficient de similarité. Mais cette population subit une dérive et une érosion génétique puisque son coefficient de similarité est de l'ordre de 90%. Les échantillons des chevaux prélevés sont regroupés selon les régions dont sont originaires les poneys prélevés comme Bazina et Nefza. La

caractérisation phénotypique et l'identification des caractères morphologiques des poneys des Mogods avant les prélèvements de sang n'ont pas pu déceler la présence de deux écotypes de Bazina et de Nefza. Par contre, l'analyse moléculaire et génétique a montré l'existence de deux écotypes différents et qui sont l'écotype Bazina et l'écotype Nefza

La moyenne du nombre d'allèles observés par locus de $4,231 \pm 0,752$ et le faible nombre moyen d'allèles efficaces pour un locus de $3,155 \pm 0,658$. Le nombre d'allèles dans une population dépend de la taille de l'échantillon



puisque la découverte d'un nouvel allèle se fait pour chaque nouvel individu observé (Fouley et Olliver, 2006). La moyenne du nombre d'allèles observée varie de $1,462 \pm 0,332$ pour la population poney des Mogods de Nefza à $3,846 \pm 0,649$ pour la population poney de Bazina. La moyenne du nombre d'allèle observé par locus est inférieure à celle observée pour les poneys de la mer caspienne (8,69), en sachant que ces derniers sont proches du poney des Mogods et ont même origine (Shahsavaran, 2010) et que ceux des chevaux asiatiques (6,58) et d'Amérique du Sud (5,67) (Luis et al., 2007). La population poney des Mogods analysée n'est pas à l'équilibre de Hardy-Weinberg puisque tous les microsatellites présentent un écart par rapport à cet équilibre. De plus cette population présente un taux de consanguinité de 90,86%. Ceci est due au mode de l'élevage confinée aux douars de ces poneys et l'utilisation d'un seul étalon.

Les taux d'hétérozygotie observé et attendue sont calculés sous l'hypothèse que la population est à l'équilibre de Hardy Weinberg. L'importance du polymorphisme génétique de la population de 63 individus poney des Mogods s'estime par la comparaison des deux hétérozygoties. L'hétérozygotie attendue de Nei ($0,548 \pm 0,092$) est très supérieure à l'hétérozygotie observée ($0,004 \pm 0,004$) ce qui traduit un déficit en hétérozygotie dans la population. Ceci est dû à une faible variabilité génétique de la population de Nefza et de Bazina créer par le mode d'utilisation des étalons et le mode de la reproduction, puisque généralement, un seul éleveur de la région possède un étalon qui sera utilisé pour la saillie durant plusieurs années et avec les mêmes juments de la région et peut même être apparenté aux juments. La valeur de l'hétérozygotie attendu et non biaisée est de $0,574 \pm 0,097$.

La valeur de l'hétérozygotie attendue de Nei (0,548) est inférieure à celle du poney Shetland (0,64) (Cunningham 2001), et du cheval indien de race Spiti (0,62) (Mamta Chauchan, 2004) et est proche du poney autochtone de Sicile (0,80) (Marletta et al, 2006)

En ce qui concerne l'Indice de fixation, celui-ci confirme le taux de consanguinité élevé de la population de poney des Mogods puisque sa valeur indique le cas d'autofécondation entre les individus.

De plus, en 1995, une pratique dévastatrice a été stoppée. Cette pratique se résume à l'envoi

au Nord Ouest d'étalon de race barbe, d'arabe-barbe, de poney des Mogods, de breton, de breton-barbe et d'Haflinger. Ces étalons sont stationnés au Nord Ouest dans les stations de l'Office de Développement Sylvo-Pastoral du Nord Ouest pour saillir les juments poneys des Mogods. Ces envoies avaient pour but d'agrandir la hauteur au garrot des chevaux existant dans cette région. Car ces chevaux étaient considérés comme étant porteurs d'une maladie de nanisme. Et c'est pour cette raison que nous trouvons une certaine parenté entre les chevaux barbe et arabe-barbe et les poneys des Mogods. Mais les différents individus sont bien individualisés et bien groupés selon les régions de provenance. Ce qui a encore augmenté l'hétérogénéité et la diversité spécifique de cette population poney des Mogods.

4. Conclusion

Cette caractérisation moléculaire de la population poney des Mogods a permis une évaluation génétique et à fait ressortir la subdivision de cette population en deux écotypes l'écotype Bazina et l'écotype Nefza. De plus, cette analyse a fait ressortir aussi une consanguinité importante qui est due au mode de gestion d'élevage pratiqué dans ces régions montagneuses du Nord Ouest. Les résultats obtenus reflètent le besoin urgent d'une gestion génétique efficace et adéquate pour cette population à effectif limité afin de la préserver et la conserver.

5. Références

- Aberle K. S, H. Hamann, C. Drogemuller and O. Distl (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: 270-277.
- Behl R., Behl J., Gupta N., Gupta S. C., Ahlawat S. P. S., Ragnekar M. and Z. Ahmed (2006)** Genetic characterization of Zanskari breed of horse. *Journal of Genetics*, Vol. 85, No. 3, 199-2003.
- Bernard L (1906)** Catégories de chevaux In : le cheval dans les mosaïques de l'Afrique du Nord. *Bulletin archéologique du comité des travaux historiques et scientifiques*. Ed: Presses Universitaires de France, p. 14 19.
- Farber C.R., Medrano J. F (2004)** Identification of putative homology between horse microsatellite flanking



- sequences and cross-species ESTs, mRNAs and genomic
- Guerin G, E. Bailey, D. Bernoco, I. Anderson, D. F. Antczak, K. Bell, I. Biro, G. Bjornstad, A. T. Bowling, R. Brandon, A. R. Caetano, G. Cholewinski, D. Colling, M. Eggleston, N. Ellis, J. Flynn, B. Gralak, T. Hasegawa, M. Ketchum, G. Lindgren, L. A. Lyons, L. V. Millon, D. Mariat, J. Murray, A. Neau A., K. Roed, K. Sandberg, L. C. Skow, I. Tammen, T. Tozaki, E. Van Dyk, B. Weiss, A. Young and J. Ziegler (2003)** The second generation of the International Equine Gene Mapping Workshop half-sibling linkage map. *Anim Genet.* 34(3), p. 161-168
- Haddad M. M (2003)** Inventaire et développement d'un schema de conservation de deux races equines autochtones: Le barbe et le poney des Mogods. Diplôme des Etudes Approfondies. Institut National Agronomique de Tunisie, 106 p.
- Peakall, R., Smouse, P.E (2006)** GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6, 288-295.
- Rohlf F. J (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. 359 p.
- Yeh F. C., R. C. Yang, T. B. J. Boyle, Z.-H. Ye and J. X. Mao (1997)** POPGENE, the user-friendly Shareware for Population Genetic Analysis. Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Canada.