

## Population bovine locale en Tunisie : de la caractérisation morphologique à la caractérisation moléculaire

R. BACCOUCHE<sup>1</sup>, S. BEDHIAF<sup>1</sup>, M. HADDAD<sup>2</sup>, B. JEMMALI<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Institut National Agronomique de Tunisie.

<sup>2</sup> Fondation Nationale d'Amélioration de la race Chevaline, Tunisie.

<sup>3</sup> Laboratoire ADIPARA, Département de la Production Animale, Ecole Supérieure d'Agriculture Mateur, Tunisie.

\* Corresponding author: baccouche.rania@gmail.com

**Abstract** - The survey on 154 native cattle owners was conducted in North West Tunisia. Photo shots of each animal were made which allowed us to conduct a study of the phenotypic diversity of this population. Blood samples were collected and genetic diversity was studied based on 2 primers combinations. In this study, amplified fragment length polymorphism (AFLP) was used to detect within and among population genetic diversity. The polymorphism information content (PIC) was 0.31. The differentiation coefficient between populations ( $G_{st}$ ) was 0.06. These results indicate that the main genetic variation was within the population (94%) and the remaining (6%) of the variation was among populations. The gene flow ( $N_m$ ) was relatively high (7.56). These results translate the critical situation in which native cattle are encountered. Little genetic differences are met across ecotypes and the large amount of variation is found within population.

**Keywords:** population of cattle / genetic diversity / phenotypic variability / AFLP.

**Résumé** - L'objectif de cette étude est d'aborder la description des ressources génétiques bovines locales et de leurs conditions d'élevage. En effet, la population bovine locale est un modèle intéressant du fait de ses origines, de ses caractéristiques héritées, et des conditions d'élevage dans lesquelles elle s'est développée. Ainsi, les travaux menés se sont intéressés à la caractérisation phénotypique, à l'étude de la diversité génétique de cette population et des systèmes d'élevage utilisés. Afin de réaliser ces objectifs, un inventaire a été fait sur un effectif total de 154 bovins locaux, situés au Nord Ouest de la Tunisie. L'étude de la variabilité phénotypique a été fondée sur une description des caractères qualitatifs. Toutefois, cette variabilité n'est pas liée à la distribution géographique de ces derniers. L'étude moléculaire établie à l'aide du marqueur moléculaire dominant AFLP a révélé plusieurs caractéristiques importantes : La combinaison d'amorce *E-AGG/M-CTT* est plus spécifique ( $R_p=69,5$ ) à l'étude de la diversité génétique des populations bovines que celle *E-ACT/M-CTT* ( $R_p=56,7$ ). La population bovine locale présente une diversité génétique relativement faible. 94% de la diversité génétique totale est d'origine intra-population (entre individus). Le flux de gènes est très élevé (7,56). La population bovine locale est consanguine, et où 85% des individus sont similaires. Ceci implique qu'il s'agit d'une même race qui forme une population hétérogène sur le plan morphologique, la diversité génétique de cette race est entrain de disparaître.

**Mots clés :** population bovine / diversité génétique / variabilité phénotypique / AFLP.

### 1. Introduction

Les bovins seraient issus de la domestication de l'aurochs sauvage, *Bos primigenius* vers 4800 avant J.-C. en Egypte et le désert Libyque (Clutton-Brock, 1999) (photo 1 a, b). Au Maghreb, la présence d'aurochs nord-africains (*Bos primigenius africanus*) apparentés aux aurochs européens et asiatiques a été enregistrée depuis l'aire Paléolithique.





**Photo 1.** a). Aurochs sauvage

b). Fresques des bovins

En Tunisie, la population bovine locale découle essentiellement de la race Brune de l'Atlas. En 1889, parmi les populations bovines du nord de la Tunisie, deux écotypes ont été identifiés, le premier prédominant, est rattaché à la race Brune de l'Atlas type ibérique de Sanson, le deuxième type appartient à une race plus charpentée que la race ibérique, c'est la race blonde d'Aquitaine.

En 1905, une épizootie de piroplasmose bacilliforme a été détectée, ainsi de nombreux essais de croisements de la race bovine locale avec le zébu «Brahmas» furent tentés sur divers points de la Tunisie et de l'Algérie. En 1912, le service de l'élevage constatait que les résultats du croisement zébu étaient satisfaisants et les produits issus de ces croisements présentaient une précocité, une rusticité et surtout une résistance particulière aux affections épizootiques. En 1931, d'autres types de croisement de la race Brune de l'Atlas par des races Européennes ont été aussi réalisés, à savoir : Charolaise, Bretonne, Aubrac, Schwitz, Normande, Tarentaise et Salers. Au Nord (région de Mateur) et au Cap Bon, des races Italiennes, à aptitudes laitières, provenant de la Sicile ou de l'Ile de Pantelleria, furent importées et croisées avec la race locale (Direction de l'élevage, 1931).

En 1949, un retour à l'espèce zébu et une importation massive de taureaux de zébu «Sindhi» a eu lieu. Cette race a été utilisée pour la saillie des vaches locales ce qui explique la présence d'animaux ayant les caractères de l'espèce zébu dans les troupeaux locaux (Cannepin, 1956, cité par Snayaa).

Après l'indépendance, la Tunisie a déployé des efforts importants afin de développer et soutenir l'élevage bovin et à partir de 1964, la Tunisie a adopté une politique socialiste reposant sur la gestion des terres et le cheptel par des coopératives dites de production (Baccouche, 2005). Cette stratégie de gestion, coïncidée à une période de sécheresse, a échoué et s'est répercutée par une diminution drastique des effectifs bovins entre 1964 et 1969.

Face au déficit alimentaire, beaucoup de pays, se sont trouvés obligés à importer des ressources génétiques animales exotiques sans avoir pour autant les outils ou la capacité pour évaluer correctement leur utilisation exacte et leur impact possible à long terme, la Tunisie n'est certes pas épargnée à cette réalité (Atti, 1987). En effet, au début des années soixante-dix, la race locale tunisienne après avoir été sujette à des croisements anarchiques aux grés des utilisateurs, il y a eu mise en place d'un programme de croisement d'absorption de la vache locale par le biais de l'insémination artificielle et la saillie naturelle dans les zones d'accès difficiles, les taureaux utilisés provenaient essentiellement de trois races (Tarentaise, Brune des Alpes et Frisonne) (Djemali, 1992).

Toutes ces interventions ont eu comme conséquence la rétrogradation de l'importance longtemps portée aux animaux autochtones et par là la réduction de leur effectif. La question qui surgit est " la race bovine locale tunisienne existe-t-elle encore ?" C'est dans ce cadre que cette étude avait pour objectifs d'inventorier et de caractériser cette ressource bovine locale.

## **2. Matériels et Méthodes**

### **2.1. Matériel animal**

Un inventaire des différents écotypes de la population bovine locale a été réalisé pendant une période de 4 mois. Des visites, dans des zones du nord de la Dorsale où l'élevage bovin autochtone existe encore, ont été réalisées. Les déplacements Co-organisés par l'Institut National de la Recherche Agronomique de Tunisie (INRAT) et l'Office de Développement Sylvo-Pastorale du Nord Ouest (ODESYANO) ont concerné trois gouvernorats du nord de la Tunisie à savoir : Bizerte, Béja et Jendouba (Bizerte : Séjnène, Shiri ; Béja : Nevza, Loulija, Chott ezzoueraa ; Jendouba : Tabarka, Ain Drahem, Ghardimaou).

Dans cette étude, la race locale est définie par son standard avec des spécificités accordées aux écotypes. Sachant que l'écotype est le groupe d'animaux appartenant au standard de la race bovine locale mais qui se distingue par, au moins, un caractère morphologique différent (couleur de la tête, de

la robe et/ou format de l'animal) qui se transmet d'une génération à une autre. Trois écotypes de la race bovine locale sont traditionnellement connus et décrits à savoir: (1) La race « Brune de l'Atlas *rameau gris* » ayant pour traits communs: la petitesse de la taille des animaux, l'adaptation aux conditions de vie difficile, la rusticité, un abdomen volumineux, un jarret coudé, une robe grise-bleue claire: c'est le type « Hammami », à l'origine, cette race avait pour berceau et aire géographique la presqu'île du Cap-bon (Cannepin, 1956). (2) La « Brune de l'Atlas *rameau fauve* », la vache dite « Arbi », originaire de cette race se distingue par une robe fauve foncée à extrémités noires, des cornes courtes en crochet ou en croissant et par une tête généralement forte et large. Habituellement, la taille varie entre 110 et 120 cm, quant au poids, il oscille entre 200 et 350 kg (Haffani, 1966) et (3) la « Grise du Cap-bon », un écotype svelte et distingué, la tête allongée, le chanfrein serré et relativement plus long que le front, légèrement creux, les cornes sont petites et insérées latéralement en croissants ou en crochet (Clavieras, 1956) la "grise du cap-bon" dont la robe est bleu-grise appelée communément "Zarga" et la "blonde du cap-bon" appelée communément "chahba" ou encore "hmami" ou "hammami" dans la région de Amdoun et Nefza, le rameau gris n'a pas été rencontré. Par contre des animaux du rameau "Blonde" ont été repérés auparavant au Cap-bon, à Kairouan et à Béja.

Lors de cet inventaire, les principaux écotypes rencontrés ont été photographiés et décrits. Les écotypes retenus dans cette étude sont ceux répondant au standard de la race bovine locale avec au moins une spécificité morphologique qui les distingue qui étaient rencontrés d'une manière répétée dans les régions visitées.

Des prises de sang ont été collectées, dans des tubes contenant un anticoagulant (EDTA) sous vide, de la veine jugulaire des bovins autochtones inventoriés pour une étude de diversité génétique.

## 2.2. Géotypage

Après extraction de l'ADN génomique basée sur le protocole de l'extraction saline de Sambrook et *al.*, (1989), le géotypage des animaux de la population bovine autochtone a été réalisé, à la Banque Nationale de Gènes, par des marqueurs moléculaires dominants AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism, Vos et *al.*, 1995). En effet, la technique AFLP est avantagée par rapport aux autres techniques par sa capacité à générer simultanément un grand nombre de marqueurs répartis sur tout le génome (Powell et *al.*, 1996). Cette technique connue par son efficacité chez différentes ressources génétiques, est considérée comme une approche pertinente pour la détection du polymorphisme aux niveaux inter et intra populations ainsi que la résolution des relations phylogénétiques (Lu *et al.* 1996; Powell *et al.* 1996). Cette technique repose sur quatre étapes à savoir: (1) la digestion de l'ADN génomique par deux enzymes de restriction à savoir l'EcoRI et la MseI, (2) la ligation des adaptateurs aux extrémités des fragments de restriction, (3) une amplification pré-sélective des produits digérés est effectuée à l'aide d'amorces complémentaires aux adaptateurs, sachant que chaque amorce présente un nucléotide sélectif additionné à l'extrémité 3'-OH et enfin (4) une amplification sélective qui utilise comme amorces des oligonucléotides ayant trois nucléotides sélectifs additionnés du côté 3'-OH à savoir: E-AGG/M-CTT et E-ACT/M-CTT. La révélation du polymorphisme des produits d'amplification a été réalisée par électrophorèse dans un séquenceur automatique ABI PRISM 3130 Genetic Analyser (Applied Biosystem) en utilisant le polymère POP7. Les données collectées automatiquement ont été analysées en utilisant le logiciel GENEMapper version 4.0 (Applied Biosystem).

## 2.3. Analyse des résultats

Le logiciel GeneMapper version (4.0) permet de retranscrire les données enregistrées par le séquenceur, de calculer les tailles des fragments analysés en paires de bases (pb) et de les transformer en pics sous forme de tracés électro-phorétiques convertis en bases binaires.

Le niveau de polymorphisme (PIC) a été calculé pour chaque marqueur selon la formule de Powel et *al.*, (1996).

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 ; \text{ Avec: } P_i \text{ est la fréquence de l'allèle } i \text{ des géotypes analysés.}$$

Certains paramètres de diversité génétique des populations comme le coefficient de différenciation de gène entre populations ( $G_{st}$ ), le flux de gènes ( $N_m$ ) ainsi que la distance génétique entre les populations (Nei's, 1978) ont été calculés en utilisant le logiciel PopGene 1.32 (Yeh et *al.*, 1999).

### 3. Résultats et discussion

#### 3.1. Etude de l'élevage bovin autochtone

Le nombre total des bovins inventoriés est de 136 têtes appartenant à 75 agriculteurs, dont 11% sont des mâles. Ce rapport entre mâles et femelles, nous procure une idée sur l'état de risque de cette population qui selon les normes de la FAO et de l'UICN, à savoir si le nombre de femelles reproductrices est compris entre 100 et 1000 et le nombre de mâle est inférieur ou égal à 20, cette ressource est catégorisée en danger. Dans les élevages identifiés, la saillie se fait d'une manière naturelle, et la majorité des animaux ne présentent pas de problèmes de vêlage, ni d'allaitement, ni de cas de mortalité des nouveaux nés bien qu'aucun suivi sanitaire ne soit effectué. Ces différentes constatations confirment la rusticité et l'adaptation de ces populations aux conditions climatiques, édaphiques ainsi qu'aux conditions économiques des éleveurs, un constat déjà établis par des études antérieures Bel Hadj (1972), Atti *et al.*, (1987) ainsi que Snayaa (2003). Cette rusticité et résistance des animaux aux maladies peuvent être dues à la nature des plantes médicinales qu'ils pâturent contribuant à leur adaptation.

#### 3.2. Etude de la diversité phénotypique

Cet inventaire a permis d'identifier trois écotypes de bovins autochtones à savoir : la race Brune de l'Atlas qui se ramifie en deux rameaux: le rameau fauve et le rameau gris et la race Blonde du Cap Bon. Cette dernière est présente par un pourcentage très réduit (5 %) ce qui indique la situation dangereuse dans laquelle elle se trouve (figure 1, 2 et 3).



Concernant la Brune de l'Atlas, la majorité des animaux rencontrés appartiennent au rameau fauve (88%) au dépend du rameau gris. Le tableau 1 récapitule les caractéristiques morphologiques des trois écotypes rencontrés. Ces résultats confirment les résultats obtenus par Snayaa, (2002) suite à un inventaire conduit en 2000 à savoir des types de bovins très diversifiés, en couleur, en forme et en format. Ces variations sont certes dues à ce que la reproduction soit toujours livrée au hasard dans une population adultérée par les croisements innombrables de races introduites, en raison de l'absence d'un programme d'enregistrement et de suivi de la reproduction et des performances. Ces constatations témoignent que dans les élevages traditionnels, détenus par des petits agriculteurs, la notion de race pure n'a pas de raison d'être et c'est plutôt le besoin qui détermine l'action. Les trois écotypes ont été rencontrés dans chaque gouvernorat.

**Tableau 1.** Caractérisation morphologique des trois écotypes de la population bovine autochtone

<b>Race</b>	<b>Brune de l'Atlas</b>		
<b>Ecotype</b>	<b>Rameau fauve</b>	<b>Rameau gris</b>	<b>Blonde du Cap Bon</b>
<b>Effectif</b>	107	22	7
<b>Couleur de la Robe</b>	42% fauve ; 20% beige ; 31% crème ; 6% marron ; 1% noire	41% gris souris ; 59% grise	71% blanche ; 29% crème claire
<b>Membres</b>	64% courts et vigoureux ; 18% courts et fins ; 18% longs et fins	39% courts et fins ; 35% longs et fins ; 26% courts et vigoureux	67% courts et fins ; 33% courts et vigoureux
<b>Corps</b>	80% bréviligne ; 20% longiligne	65% bréviligne ; 35% longiligne	83% bréviligne ; 17% longiligne
<b>Yeux</b>	70% exorbités ; 30% effacés	61% exorbités ; 39% effacés	71% exorbités ; 29% effacés
<b>Tête</b>	45,05% courte et fine ; 7,95% courte et vigoureuse ; 36,96% longue et fine ; 11,04% longue et vigoureuse	33% longue et fine ; 47,57% courte et vigoureuse ; 19,43% courte et fine	86% fine ; 14% chargée
<b>Naseau</b>	76% blanc ; 24% même couleur que celle de la robe	84% blanc ; 16% même couleur que celle de la robe	29% blanc ; 71% même couleur que celle de la robe
<b>Chanfrein</b>	51% convexe ; 44% plat ; 6% concave	55% plat ; 36% convexe ; 9% concave	71% plat ; 29% convexe
<b>Dos</b>	40% irrégulier et vigoureux ; 35% régulier et vigoureux ; 14% régulier et fin ; 11% irrégulier et fin	41% irrégulier et vigoureux ; 23% irrégulier et fin ; 18% régulier et fin ; 18% régulier et vigoureux	100% irrégulier et fin
<b>Attache de la queue</b>	62% attachée haute ; 38% attachée basse	55% attachée basse ; 45% attachée haute	83% attachée haute ; 17% attachée basse
<b>Epaule</b>	48% courte et vigoureuse ; 31% plate et longue ; 13% plate et courte ; 6% plate et fine ; 1% longue et vigoureuse ; 1% plate et vigoureuse	36% courte et plate ; 32% courte et vigoureuse ; 27% longue et plate ; 5% fine et plate	57% courte et plate ; 43% longue et plate
<b>Cuisse</b>	43% courte et vigoureuse ; 35% longue et plate ; 15% plate et courte ; 4% plate et fine ; 2% longue et vigoureuse ; 1% plate et vigoureuse	36% courte et plate ; 32% courte et vigoureuse ; 27% longue et plate ; 5% large et fine	67% plate et courte ; 33% plate et longue
<b>Encolure</b>	55% large ; 7% longue ; 38% courte	95% courte ; 5% longue	71% large ; 29% courte
<b>Forme des cornes</b>	71% en crochet ; 20% en lyre ; 7% en croissant ; 2% petits	82% en crochet ; 14% en lyre ; 4% en croissant	57% en crochet ; 43% en lyre
<b>Couleur des cornes</b>	50% blanches ; 48% Grises ; 2% noires	68% grises ; 32% blanches	100% grises

### 3.3. Etude de la diversité génétique

Les différentes étapes du génotypage se sont déroulées correctement ceci a été déduit à partir des électrophorèses sur gel d'agarose.

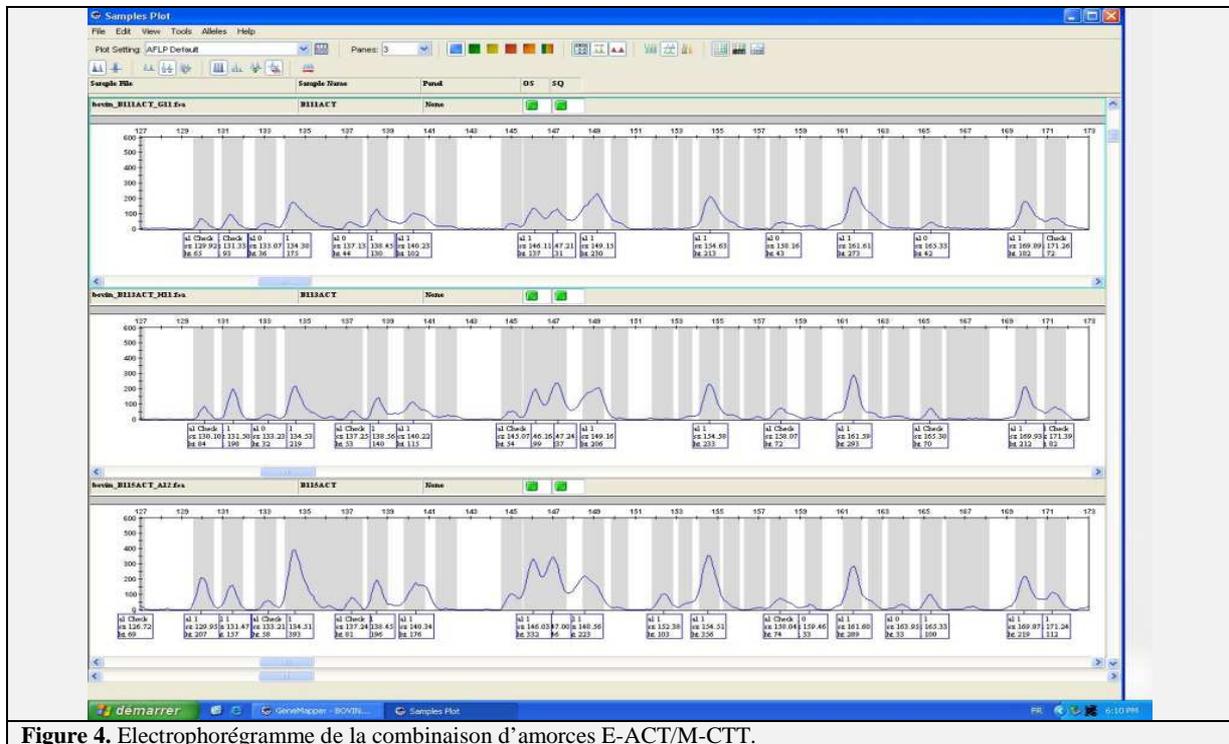


Figure 4. Electrophorégramme de la combinaison d’amorces E-ACT/M-CTT.

L’analyse interspécifique (inter-populations) a généré un total de 314 allèles dont 247 bandes sont polymorphes et ce en utilisant les deux combinaisons d’amorces. Les différents profils électrophorétiques révèlent 113 et 134 bandes respectivement pour les combinaisons d’amorces E-ACT/M-CTT et E-AGG/M-CTT, avec une moyenne de 123 (tableau 2). Ces résultats suggèrent l’efficacité des combinaisons d’amorces AFLP utilisés et confirment que cette technique génère un nombre important de marqueurs polymorphes (Morganate et Olivieri., 1993). La valeur du PIC pour la combinaison E-ACT/M-CTT est de 0,31 et celle de la combinaison AGG/M-CTT est de 0,32. La combinaison d’amorce E-AGG/M-CTT contribue ainsi au mieux à la caractérisation des populations analysées.

**Tableau 2.** Bandes polymorphes générées par les deux combinaisons d’amorces AFLP

Amorce	NTB	NBP	PIC	G <sub>st</sub>	N <sub>m</sub>
E-AGG/M-CTT	171	134	0,32	0,07	7,06
E-ACT/M-CTT	143	113	0,31	0,06	8,16

NTB : Nombre total de bandes ; NBP : Nombre de bandes polymorphes ; PBP : Pourcentage de bandes polymorphes ; G<sub>st</sub> : Hétérogénéité des fréquences alléliques ; N<sub>m</sub> : Flux de gènes.

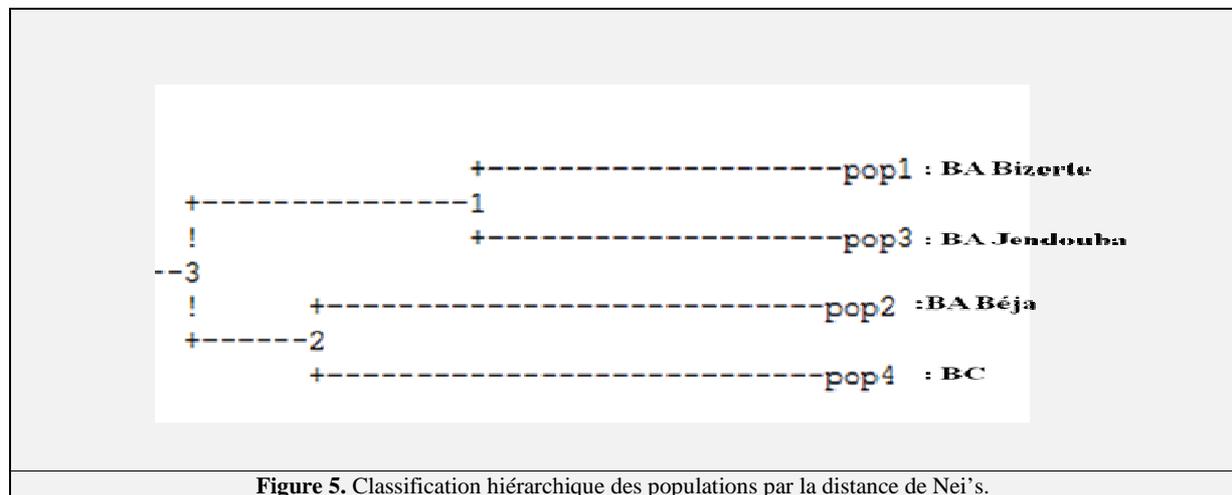
Le coefficient de différenciation (G<sub>ST</sub>) est de l’ordre de 0,059 indiquant que 6% de la variabilité génétique totale est entre les quatre populations (inter-populations) et que 94% est une variabilité au sein de chaque population (intra-population). Le flux de gènes (N<sub>m</sub>) retrouvé est de 7,53 ce qui explique un flux de gènes très important entre les populations.

**Tableau 3.** La distance et l'identité génétique entre les quatre populations (Nei's, 1978 ).

	BA-Bizete	BA-Béja	BA-Jendouba	BC
BA-Bizete	-	0.9691	0.9820	0.9648
BA-Béja	0.0314	-	0.9757	0.9749
BA-Jendouba	0.0182	0.0246	-	0.9660
BC	0.0358	0.0254	0.0346	-

 Identité génétique  
 Distance génétique

La distance de Nei's entre les populations est rangée de 0,008 entre les populations de BA-Jendouba et celle de BA-Bizerte, pour atteindre 0,017 entre BC et BA-Bizerte. Parallèlement l'identité génétique la plus élevée (0,9918) existe entre les deux populations de BA dans la région de Jendouba et de Bizerte, et la plus faible se trouve entre BC et la BA à Bizerte (tableau 3). La figure (5) illustre la classification hiérarchique des quatre populations.



A partir de la matrice binaire de chaque combinaison, des marqueurs spécifiques ont été dégagés pour chaque combinaison d'amorces selon la taille de bandes générées en paire de base.

Ces allèles ont été retenus suite à leur présence dans les pools, pour les marqueurs spécifiques de la Brune de l'Atlas ils étaient décelés par leur présence au minimum dans 75% des 4 pools (présents dans 3 ou 4 pools) et leurs absence dans le pool de la Blonde du Cap Bon. Cependant, pour ce qu'il en ait des allèles privés de la Blonde du Cap Bon, seuls existants dans ce pool et ne figurant pas dans aucun des autres pools sont retenus. Pour les fragments spécifiques de la Brune de l'Atlas ils sont au nombre de 29 dont 24 de la combinaison d'amorce E-AGG/M-CTT (55, 89, 106, 109, 110,111, 119, 134, 137, 141, 143, 147, 166, 169, 176, 192, 194, 195, 231, 327, 333, 346, 419, 433 (pb)) et 5 associés à la combinaison d'amorce E-ACT/M-CTT (213, 259, 276, 285, 286 (pb)). Quant à la Blonde du Cap Bon le nombre total de marqueurs spécifiques est de l'ordre de 22 dont 19 reliés à la combinaison d'amorce E-AGG/M-CTT ( 87,117, 142,146, 148, 193, 220, 236, 237, 265, 275, 280,300, 317, 322, 328, 335, 380, 427(pb)) et 3 de la combinaison E-ACT/M-CTT (122, 275, 384 (pb)).

Il se trouve que la combinaison d'amorce E-AGG/M-CTT génère beaucoup plus de fragments spécifiques que la combinaison d'amorces E-ACT/M-CTT. Ainsi, la combinaison E-AGG/M-CTT est plus spécifique à la caractérisation des populations génotypées.

#### 4. Conclusion

L'inventaire fait lors de cette étude fait ressortir d'importants résultats. En effet, les deux races qui forment la population bovine autochtone ont été rencontrées dans les trois gouvernorats visités. Il est à noter que les effectifs de la Blonde du Cap Bon sont très réduits.

Quant à la caractérisation morphologique, elle s'est basée sur la description de 14 caractères qualitatifs, il en ressort que la seule différence existante entre écotype est celle de la couleur de la robe. Toutefois, aucune différence n'a été enregistrée pour les autres caractères. Tous les animaux se ressemblent même s'ils n'appartiennent pas à la même région. Il se trouve que la diversité phénotypique rencontrée n'est ni liée à la région ni à l'écotype c'est une variabilité individuelle plutôt qu'une variabilité des populations. Ceci peut être expliqué par les différents croisements qu'a subi cette population au cours des années et qui ont influencé notablement la structure génétique du cheptel présent de nos jours en Tunisie qui se caractérise par une juxtaposition de races d'origine ibérique et d'autres d'origines diverses.

L'étude moléculaire a été établie par la technique AFLP qui génère un grand nombre de marqueurs répartis sur tout le génome (POWELL *et al.* 1996). Ceci étant, la diversité rencontrée est relativement faible (0,31 à 0,32) comparativement à la littérature. Elle est supérieure à celle observée avec des marqueurs biochimiques par Arranz *et al.* (1996) sur cinq races ibériques (0,20 à 0,26), par Singh *et al.* (1981) sur huit races de zébus indiens (0,20 à 0,34). Elle est également inférieure à celles retrouvées par Jordana *et al.* (1999) sur des races Albères (0,33) ou même par Giovambattista *et al.* (2001) sur le bovin créole d'Argentin (0,47). Le coefficient de différenciation ( $G_{st}$ ) est de l'ordre de 0,06 ce qui indique que 94% de la diversité rencontrée est d'origine intra-population. Le flux de gènes est très important de l'ordre de 7,53. Par ailleurs, l'identité génétique est très élevée contrairement à la distance génétique. Les marqueurs spécifiques ont été dégagés pour chaque combinaison d'amorces. Ainsi, La combinaison d'amorce E-AGG/M-CTT contribue ainsi au mieux à la caractérisation des populations analysées car elle génère un nombre beaucoup plus importants de fragments spécifiques que la combinaison E-ACT/M-CTT.

Les résultats de l'étude de la diversité phénotypique concordent avec ceux de la diversité génétique, vu que la variabilité rencontrée est individuelle. Tous ces résultats mène à conclure que cette population est formée d'une seule et unique race.

Ceci est dû essentiellement à l'absence de gestion de généalogies dans les troupeaux et des croisements souvent incontrôlés. La diversité génétique de cette population est entrain de disparaître. Le déclin de la diversité de l'élevage a des conséquences graves sur la production animale actuelle, sur les capacités futures à relever des défis imprévus et à profiter d'opportunités inattendues.

#### 5. Références bibliographiques

- Atti N et Ben Dhia H., 1987.** Performances des bovins croisés en Tunisie. Annales de l'Institut National de Recherche Agronomique de Tunisie, 60. 1-24.
- Audiot A, 1995.** Races d'hier pour l'élevage de demain. INRA. 286p.
- Auriol P, 1989.** Schémas d'amélioration génétique des populations bovines locales dans le Maghreb. Amélioration génétique des bovins sous climat sud-méditerranéen. Symposium Tunis, 21-23 novembre 1989. EAAP publication, 47 :156-166.
- Belhaj M.T, 1972.** Essai d'amélioration génétique de la race bovine locale par le croisement d'absorption. Mémoire de fin d'études de troisième cycle d'agronomie. Institut National Agronomique de Tunisie.85p.
- Djemali M., 1992.** Rapport National sur les Ressources Génétiques Animales.39p.
- FAO, 2008.** L'état des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde. Rome, .39p.
- FAO, 2009.** Préparation de stratégies et de plans d'action nationaux pour les ressources zoogénétiques. Directives FAO : Production et santé animales. Numéro 2.Rome. 86p.
- FAO/UNEP, 2000.** World Watch List for Domestic Animal Diversity. 3<sup>rd</sup> edition. ED. Scherf B.D., Rome, Italy. 726p.
- Nei M., 1972.** Genetic distance between populations. The American Naturalist, 106: 283-292.
- OEP, 2010.
- Sambrook J., Fritsch E.F et Maniatis T., 1989.** Molecular Cloning. A laboratory manual second Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press. New York, USA.
- Snayaa N., 2003.** Inventaire de la biodiversité bovine autochtone en Tunisie et développement d'un schéma de conservation. Mémoire de diplôme d'études approfondies. Institut National Agronomique de Tunisie.72p.