

## Estimation des paramètres génétiques du poids à 90 jours de la race ovine Barbarine par une approche Bayésienne



**IABC**  
International  
TUNISIA 2015

W. MAAOUI<sup>1\*</sup>, A. BEN GARA<sup>2</sup>, B. REKIK<sup>2</sup>,  
J. TOUMI<sup>3</sup>

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

<sup>2</sup> Ecole Supérieure d'Agriculture de Mateur

<sup>3</sup> Faculté des Sciences de Tunis

\* Auteur correspondant: maaoui\_walid@yahoo.fr

**Abstract** - In Tunisia, several authors focused on the estimation of Barbarin lambs genetic growth parameters. Obtained results showed large variability according to used databases and estimation methodologies. Attempts to estimate maternal genetic effects showed unsatisfactory results. In this study, we used the growth performance database of 6933 Barbarins red head lambs in 8 herds and 4 farms (2 herds per farm) from 2004 to 2009. The 90 days lamb weight has been considered to estimate variance components (direct, maternal, permanent and residual environment). The estimation was performed according to Bayesian approach with the Gibbs sampling associated with an animal model that includes fixed effects (year and month of lambing, litter size, age of ewes and lambs sex). A 50000 total samples were generated. A burn-in period of 5000 rounds was used and then one out of 10 iterations was kept for subsequent analysis. Mean posterior variance for the direct and maternal fluctuated between 0,021 to 2,757 and 0,228 to 1,581, respectively. Similarly, the estimated heritability was between 0,001-0,193 and 0,016-0,109.

**Keywords:** Barbarine , growth , maternal effect , Sheep breed.

**Résumé** - En Tunisie plusieurs auteurs se sont intéressés à l'estimation des paramètres génétiques de la croissance chez la race Barbarine. Une grande variabilité des résultats a été constatée selon les bases de données utilisées et les méthodologies d'estimation. Les tentatives d'estimation des paramètres génétiques relatives à l'effet génétique maternel n'ont pas abouti à des résultats satisfaisants.

Le présent travail a étudié les performances de 6933 agneaux Barbarins à tête rousse répartis dans 8 troupeaux appartenant à 4 fermes (soit 2 troupeaux par ferme) de l'année 2004 jusqu'à l'année 2009. Le poids des agneaux à 90 jours a été pris en considération pour l'estimation des composantes de variances (directe, maternelle, environnement permanent et résiduelle). Ces derniers ont été estimés avec une approche Bayésienne avec l'échantillonneur de Gibbs associé à un modèle animal qui comporte les effets fixes (année et mois d'agnelage, taille de la portée, âge de la brebis et sexes des descendants). On a effectué 50,000 itérations avec une période d'échauffement de 5000, une itération sur 10 a été retenue pour les analyses qui suivent. Les moyennes postérieures pour la variance de l'effet direct et maternel ont oscillé entre 0.021 à 2.757 et de 0.228 à 1.581 respectivement. Dans le même ordre, les héritabilités estimées ont été comprises entre 0.001 à 0.193 et de 0.016 à 0.109.

**Mots clés:** Barbarine, croissance, effet maternel, agneaux

### 1. Introduction

La Tunisie est un pays de la rive sud de la méditerranée qui se caractérise par l'irrégularité des pluviométries d'une année à une autre et d'une saison à une autre. De plus, vu l'importance des superficies de parcours pauvres dans les régions du centre et du sud tunisiens, qui ne peuvent être valorisés que par les petits ruminants et les camélidés, l'élevage ovin n'a pas cessé de prendre de l'ampleur. De ce fait, l'élevage ovin tunisien contribue à 40% dans la couverture des besoins de la population en viande rouge soit 49500 tonnes (OEP 2009). L'amélioration de la productivité du cheptel est une priorité nationale



La Barbarine à queue grasse est la race dominante en Tunisie. Bedhiafi Romdhani et al. (2008) ont indiqué qu'il y a 4 millions d'unités femelles et que 60% de ces femelles sont de race Barbarine. Le programme d'amélioration génétique des ovins en Tunisie repose sur un noyau de sélection composé de 236 troupeaux répartis sur tout le territoire. Le contrôle de croissance des agneaux s'effectue en 6 pesées pour le calcul des poids aux âges types ( $P_{10}$ , ...  $P_{90}$ ) et les gains de poids entre ces âges. Une évaluation génétique est réalisée sur les agneaux à l'âge de 3 mois et seuls les meilleurs sont retenus comme reproducteurs dans le cadre du programme élèves béliers. En Tunisie plusieurs auteurs se sont intéressés à l'estimation des paramètres génétiques de la race Barbarine pour le poids au sevrage des agneaux à 90 jours (Ben Hamouda 1985, Djemali et al. 1995a et b ; Bedhiaf et Djemali 1998 ; Ben Gara 2000 ; Rabhi 2003 et Bedhiaf-Romdhani & Djemali 2006). Une grande variabilité des résultats a été constatée selon les bases de données utilisées et les méthodologies d'estimations sont différentes. Djemali et al. (1995a) en utilisant trois méthodologies différentes : MIVQUE (0), ML et REML ont trouvé des valeurs pour l'héritabilité direct comprises entre 0,27 et 0,36. Ben Gara (2000) a trouvé 0,24 et que Bedhiaf-Romdhani & Djemali (2006) en utilisant en premier lieu un modèle animal avec un effet génétique direct et en deuxième lieu un modèle animal avec un effet génétique direct et un effet génétique maternel ont eu des valeurs comprises entre 0,307 et 0,369. Ces tentatives d'estimation des paramètres génétiques relatives à l'effet génétique maternel n'ont pas abouti à des résultats satisfaisants. Parmi les causes possibles, la taille des troupeaux, la non connaissance des filiations paternelles, la faible connexion des données, le nombre réduit de générations contrôlées et le nombre important de données aberrantes. Schenkel et Schaeffer (2000) ont indiqué que la sélection peut augmenter le carré moyen de l'erreur des estimations des composantes de la variance et d'amplifier l'incertitude des paramètres génétiques. La méthode de Bayésienne peut tenir compte de l'incertitude des paramètres de dispersion en considérant la densité marginale *a posteriori* de ces paramètres (Gianola et Fernando 1986; Wang et al. 1993 et Sorensen et al. 1994). Échantillonnage de Gibbs est une méthode d'intégration numérique de Monte Carlo qui permet de faire des inférences sur les distributions conjointes ou marginales, même si les densités appropriées ne peuvent être formés de manière explicite (Geman et Geman 1984). L'analyse bayésienne avec un échantillonnage de Gibbs donne des estimations complètes de Monte Carlo de la distribution marginale *a posteriori* de tous les paramètres d'intérêt, par exemple pour les valeurs d'élevage, à partir de laquelle les probabilités que le paramètre se situe entre les valeurs spécifiées peuvent être calculés (Van Tassel et al. 1995; Sorensen 1996). Le cycle de générer chaque paramètre est répété. Finalement, l'échantillonneur de Gibbs converge vers la distribution marginale *a posteriori*, les valeurs tirées après la convergence sont considérés comme des échantillons aléatoires de la distribution *a posteriori*. Le nombre de tours jetés avant que les valeurs sont considérées comme des échantillons de la distribution *a posteriori* est généralement appelé la période d'échauffement (Van Tassel et Van Vleck 1996). L'objectif de ce travail est d'estimer les paramètres génétiques du poids à 90 jours des agneaux barbarins par une approche bayésienne.

## 2. Matériels et méthodes

### 2.1. Les données

#### 2.1.1. Origine des données

Les données utilisées dans cette étude appartiennent à 4 grandes fermes domaniales qui sont :

- La ferme Jbibina – Saouef au gouvernorat de Zaghuan, qui appartient à l'Office de l'Élevage et des Pâturages (OEP).
- La ferme El Alem de l'Office des Terres Domaniales (OTD) se trouvant dans la délégation de Sbikha au gouvernorat de Kairouan.
- La ferme Châal de l'Office des Terres Domaniales (OTD) appartenant au gouvernorat de Sfax.
- La ferme Touila de l'Office des Terres Domaniales (OTD) appartenant au gouvernorat de Sidi Bouzid.

Les données proviennent du contrôle de performances officiel et sont fournies par le Centre d'Amélioration Génétique de Sidi Thabet. Les données collectées concernent la période de 2004 à 2009. Les troupeaux utilisés appartiennent au secteur organisé où on pratique une période de flushing avant et pendant la lutte qui dure 3 mois, un steaming durant la période des mises bas qui s'étale de septembre à novembre.

Les agneaux nés sont identifiés avec des marques en plastique de type Tip-Tag, l'identification des agneaux qui seront gardés pour la reproduction est remplacée par des marques en plastique de type Allflex. Le contrôle des performances est réalisé d'une façon systématique sur tous les agneaux de l'exploitation et avec une périodicité de 21 jours. La première pesée est généralement programmée 21 jours après la naissance du premier agneau. Les pesées réalisées serviront pour le calcul des poids aux âges types et aux gains de poids entre ces âges types.

### 2.1.2. Structure des données

Le fichier de croissance obtenu auprès du Centre d'Amélioration Génétique de Sidi Thabet renferme les informations suivantes :

- ❖ Code de la ferme
- ❖ Numéro du troupeau
- ❖ Numéro de l'animal
- ❖ Sexe et mode de naissance
- ❖ Mois de naissance
- ❖ Année de naissance
- ❖ Numéro de la mère
- ❖ Mois de naissance de la mère
- ❖ Année de naissance de la mère
- ❖ Dates des pesées
- ❖ Les poids

### 2.1.3. Calcul des poids et gains de poids aux âges types

A partir de données collectées, le calcul des poids aux âges types ( $P_{10}$ ,  $P_{30}$ ,  $P_{50}$ ,  $P_{70}$  et  $P_{90}$ ) est effectué de deux manières possibles :

- ❖ Soit que l'âge type est compris entre deux pesées successives et on procède par interpolation linéaire.
- ❖ Soit que l'âge type n'est pas compris entre deux pesées et dans ce cas il est calculé par extrapolation.

Dans les deux cas déjà indiqués auparavant la formule utilisée est la suivante :

$$P_x = P_{n-1} - \frac{P_n - P_{n-1}}{D_n - D_{n-1}} (D_{n-1} - D_x)$$

Avec :  $P_x$  est le poids à 10, 30, 50, 70 et 90 jours  
 $D_x$  Date à l'âge de 10, 30, 70 ou 90 jours.  
 $P_n$ ,  $P_{n-1}$  les deux pesées qui servent au calcul de  $P$   
 $D_n$ ,  $D_{n-1}$  sont les dates correspondantes à  $P_n$  et  $P_{n-1}$

Les GMQ aux âges types exprimés en gramme, sont calculés de la manière suivante :

$$GMQ_{10-30} = \frac{(P_{30} - P_{10}) * 1000}{20}$$

$$GMQ_{30-50} = \frac{(P_{50} - P_{30}) * 1000}{20}$$

$$GMQ_{30-70} = \frac{(P_{70} - P_{30}) * 1000}{40}$$

$$GMQ_{30-90} = \frac{(P_{90} - P_{30}) * 1000}{60}$$

## 2.2. Analyses

### 2.2.1. Modèle

L'estimation des composantes génétiques est réalisée en utilisant le modèle animal à effets génétiques direct et maternel. Le modèle retenu comporte les facteurs fixes (année-troupeau, sexe-mode, âge de la mère et mois de naissance) et quatre facteurs aléatoires : les deux premiers sont corrélés (effet génétiques directes et maternels), les deux derniers sont indépendants (effet de l'environnement permanent et l'effet résiduel).

Ce modèle s'écrit comme suit :

$$y = Xb + Wp + Z_m m + Z_a a + e$$

avec  $W = Z_m$

Y : Vecteur des performances des animaux

b : Vecteur des effets fixes

m : vecteur d'ordre q d'effets génétiques additifs maternels

a : vecteur d'ordre q d'effets génétiques additifs directs

p : vecteur d'ordre p d'effets permanents

X : Matrice d'incidence qui relie b à Y

W,  $Z_m$  et  $Z_a$  sont les matrices

N : Nombre d'observations d'incidence des effets aléatoires.

On définit :

$$G_0^{-1} = \begin{bmatrix} \sigma_m^2 & \sigma_{a,m} \\ \sigma_{a,m} & \sigma_a^2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g^{m,m} & g^{m,a} \\ g^{m,a} & g^{a,a} \end{bmatrix} \quad \text{où } G_0 \text{ est une matrice de variances- covariances génétiques}$$

et  $G_0^{-1}$  son inverse.

$$\text{Var} \begin{bmatrix} p \\ m \\ a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_p^2 & & \\ & G_0 & \\ & & A \end{bmatrix} \quad \text{où } \otimes \text{ produit direct de Kronecker}$$

Les observations, valeurs génétiques, effet maternel permanent sont distribués comme suit:

$$y \sim N(Xb + Wp + Z_m m + Z_a a, I \sigma_p^2)$$

$$\begin{matrix} m \\ a \end{matrix} \Big| \begin{matrix} A, G_0 \\ \sim N \left( \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}, G_0 \otimes A \right) \end{matrix}$$

$$p \mid \sigma_p^2 \sim N(0, I \sigma_p^2)$$

Avec N la distribution normale.

### 2.2.2. Définition des distributions *a priori*

$p(b) \sim \text{constante}$

$$p(\sigma_e^2 / \nu_e, S_e^2) \propto S_e^2 \chi_{\nu_e}^{-2}$$

$$p(\sigma_p^2 / \nu_p, S_p^2) \propto S_p^2 \chi_{\nu_p}^{-2}$$

$$p(G_0/V, \nu) \propto IW_2(V, \nu)$$

$\chi^{-2}$  étant la distribution  $\chi^2$  inverse et  $IW_2$  est la distribution inverse de wishart d'ordre 2.

On prend  $\nu = -3$ ,  $V = 0$  dans ce cas  $p(G_0/V, \nu)$  est une distribution uniforme

On définit

$$\sigma = \sigma_e^2 / \sigma_p^2$$

$$K_{m,m} = \sigma_e^2 g^{m,m}$$

$$K_{m,a} = \sigma_e^2 g^{m,a}$$

$$K_{a,a} = \sigma_e^2 g^{a,a}$$

$$Xb + Z_m p + Z_m m + Z_a a = W\theta$$

$$\left\{ \begin{array}{l} \theta_i / \theta_{-i}, \sigma_p^2, \sigma_m^2, \sigma_a^2, \sigma_e^2, y \sim N(\hat{\theta}_i, C_{ii}^{-1} \sigma_e^2) \\ C_{ii} \hat{\theta}_i = (W'_i y - C_{i,-i} \theta_{-i}) \end{array} \right.$$

Alors

Avec C la matrice suivante :

$$C = \begin{bmatrix} X'X & X'Z_m & X'Z_m & X'Z_a \\ Z'_m X & Z'_m Z_m + \gamma I & Z'_m Z_m & Z'_m Z_a \\ Z'_m X & Z'_m Z_m & Z'_m Z_m + A^{-1} K_{m,m} & Z'_m Z_a + A^{-1} K_{m,a} \\ Z'_a X & Z'_a Z_a & Z'_a Z_m + A^{-1} K_{a,m} & Z'_a Z_a + A^{-1} K_{a,a} \end{bmatrix}$$

Alors  $\hat{b}, \hat{p}, \hat{m}$  et  $\hat{a}$  sont calculés comme suit :

$$\hat{b} = (X' R^{-1} X)^{-1} X' R^{-1} (y - Z_m \hat{p} - Z_m \hat{m} - Z_a \hat{a})$$

$$\hat{p} = (Z'_m R^{-1} Z_m + I \sigma_p^{-2})^{-1} Z'_m R^{-1} (y - X \hat{b} - Z_m \hat{m} - Z_a \hat{a})$$

$$\hat{m} = (Z'_m R^{-1} Z_m + A^{-1} \sigma_m^{-2})^{-1} Z'_m R^{-1} (y - X \hat{b} - Z_m \hat{p} - Z_a \hat{a})$$

$$\hat{a} = (Z'_a R^{-1} Z_a + A^{-1} \sigma_a^{-2})^{-1} Z'_a R^{-1} (y - X \hat{b} - Z_m \hat{p} - Z_m \hat{m})$$

Avec

$$b \sim N(\hat{b}, (X' R^{-1} X)^{-1})$$

$$p \sim N(\hat{p}, (Z'_m R^{-1} Z_m + I \sigma_p^{-2})^{-1})$$

$$m \sim N(\hat{m}, (Z'_m R^{-1} Z_m + A^{-1} \sigma_m^{-2})^{-1})$$

$$a \sim N(\hat{a}, (Z'_a R^{-1} Z_a + A^{-1} \sigma_a^{-2})^{-1})$$

$$\sigma_e^2 \sim \chi^2(N + \nu_e, \nu_e S_e^2 + ee')$$

$$\sigma_p^2 \sim \chi^2(p + \nu_p, \nu_p S_p^2 + pp')$$

$$G_0 \sim IW_2(CS_g^2 + V^{-1})^{-1}, \nu + q$$

$$S_g^2 = \begin{bmatrix} m' A^{-1} m & m' A^{-1} a \\ a' A^{-1} m & a' A^{-1} a \end{bmatrix}$$

Avec

$$\mathbf{e} = (\mathbf{y} - \mathbf{X}\mathbf{b} - \mathbf{Z}_m\mathbf{p} - \mathbf{Z}_m\mathbf{m} - \mathbf{Z}_a\mathbf{a}$$

$$\mathbf{V} = \mathbf{S}_{g_0} = \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{v} = \mathbf{m}g_0 = -3$$

### 2.2.3. Simulation d'une distribution de Wishart $W_p(\mathbf{S}, n)$ :

On procède par une factorisation de Cholesky :

$$\mathbf{S} = \mathbf{L}'\mathbf{L}$$

On construit un triangle inférieur  $\mathbf{T} = \{t_{i,j}\}_{i=1,\dots,p}^{j=1,\dots,p}$

$$\text{Avec } t_{i,j} = \sqrt{\chi_{n+1-i}^2}$$

$$t_{i,j} \sim N(0,1) \text{ si } i < j$$

$$\text{et } t_{i,j} = 0 \text{ si } i < j$$

Alors le produit  $\mathbf{Q} = \mathbf{L}'\mathbf{T}\mathbf{T}'\mathbf{L} \sim W_p(\mathbf{S}, n)$

Et  $\mathbf{Q}^{-1} \sim I W_p(\mathbf{S}, n)$

L'hyper paramètre  $\mathbf{V}$  (prior) peut être déterminé de la façon suivante :

$$E(\mathbf{G}_0 / \mathbf{V}, \mathbf{v}) = \frac{\mathbf{V}^{-1}}{(\mathbf{v} - 3)}$$

On choisit  $\mathbf{V}^{-1} = (\mathbf{v} - 3)\tilde{\mathbf{E}}(\mathbf{G}_0 / \mathbf{V}, \mathbf{v})$

Où  $\tilde{\mathbf{E}}(\mathbf{G}_0 / \mathbf{V}, \mathbf{v})$  détermine la base de l'information *a priori*

### 2.2.4. Echantillonnage de Gibbs

Les distributions marginales *a posteriori* des paramètres qui nous intéressent (variance de l'effet génétique direct, variance de l'effet génétique maternel, variance de l'effet de l'environnement permanent, variance résiduelle, covariance directe-maternelle, corrélation directe-maternelle, héritabilité directe et maternelle) sont obtenues par échantillonnage de Gibbs à partir des distributions conditionnelles *a posteriori*. Au cours de cette analyse on a effectué 50000 échantillonnage, les 5000 premiers échantillons sont écartés on parle d'une période d'échauffement puis un échantillon sur dix est retenu pour l'analyse post gibbs. Au total, 4500 échantillons sont utilisés pour estimer les distributions postérieures.

Le programme informatique est développé par Ben Gara (2006) en Langage FORTRAN 90.

### 2.2.5. Analyses post-Gibbs

Les paramètres des densités marginales postérieures sont estimés à partir des échantillons retenus selon la méthode développée par Silverman (1986).

## 3. Résultats et discussion

### 3.1. Description des données

L'étude a porté sur les performances de 6933 agneaux Barbarins à tête rousse répartis dans 8 troupeaux et dans 4 fermes (soit 2 troupeaux par ferme) de l'année 2004 jusqu'à l'année 2009. Le tableau 1 nous donne une idée sur la répartition des effectifs par ferme et par troupeau :

**Tableau 1.** Répartition des effectifs par ferme et par troupeau

Ferme	DM 05		FG 01		KJ 01		NG 29	
Troupeau	Tr 10	Tr 06	Tr 07	Tr 08	Tr 03	Tr 04	Tr 01	Tr 05
	1036	785	785	359	927	1116	920	1005
Total par ferme	1821		1144		2043		1925	

Les mises bas sont échelonnées du mois de août jusqu’au mois de décembre et la figure 1 nous donne une idée sur la répartition des naissances par mois. D’après cette figure on peut conclure que 87.25% des agnelages se déroulent durant la période septembre – octobre.

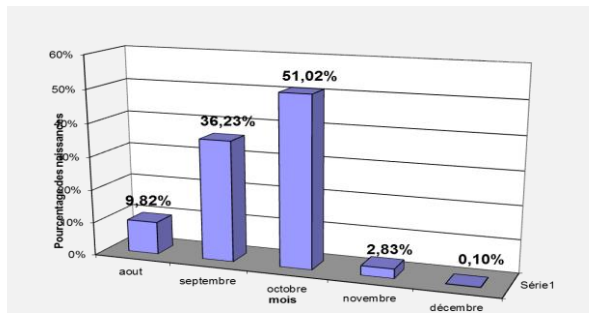


Figure 1. Répartition des mises bas par mois d’agnelage.

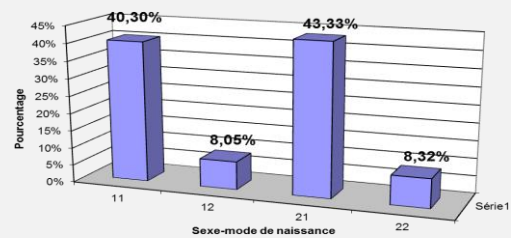


Figure 2. Répartition des mises bas par sexe-mode de naissance

La répartition des agneaux par sexe-mode de naissance (figure 2) montre que 40.30% des descendants sont des mâles simples, 43.33% des femelles simples, 8.05% des mâles doubles et 8.32 des femelles doubles. La figure 3 illustre la répartition des brebis par âges et elle montre que 56.57% des brebis ont des âges inférieurs à 5 ans.

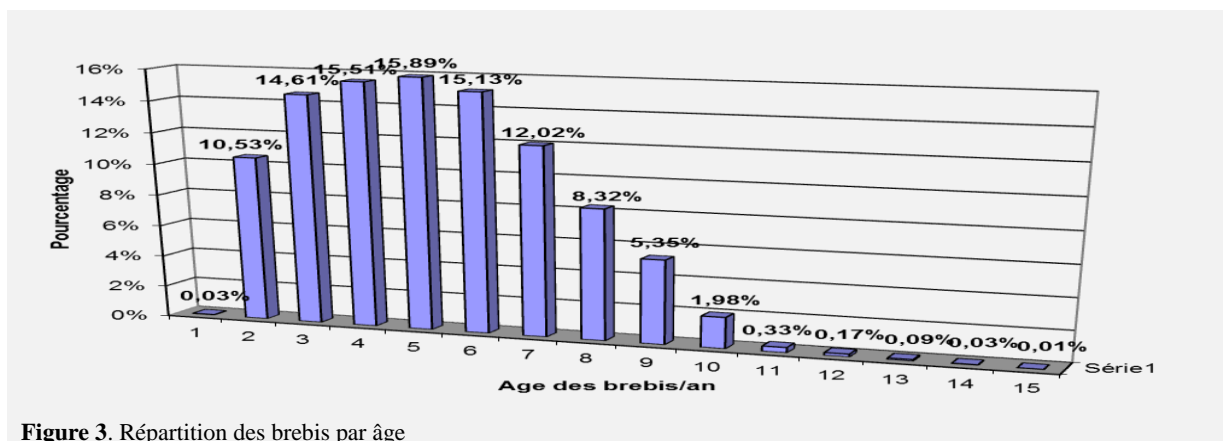


Figure 3. Répartition des brebis par âge

### 3.2. Croissance moyenne

Les poids moyens des agneaux aux âges types sont de 5.51 Kg, 8.85 Kg, 12.16 Kg, 15.33 Kg et 18.47 respectivement pour le poids à 10 jours, à 30 jours, à 50 jours, à 70 jours et à 90 jours (Tableau 2). Les résultats trouvés pour les poids aux âges types sont comparables avec ceux trouvés par plusieurs auteurs qui ont travaillé sur la race Barbarine (Djemali et al. 1995b; Ben Gara 2000 et Rabhi 2003). En ce qui concerne les gains de poids entre les âges types, tous les auteurs déjà cité auparavant, ont trouvé des valeurs supérieures pour le GMQ<sub>10-30</sub> (entre 178 et 187g/j contre 167g/j ) et plus faibles pour le GMQ<sub>30-90</sub> (160g/j contre des valeurs comprises entre 144 et 153g/j).

Tableau 2. Performances moyennes de croissance de la race Brabarine à tête rousse.

Caractère	Effectif	Moyenne	Ecart type	Min	Max
Poids (Kg)					
P10	6933	5.512	1.228	3.000	11.100
P30	6933	8.853	2.254	3.000	16.100
P50	6933	12.162	2.975	3.900	22.300
P70	6933	15.339	3.669	4.700	28.000
P90	6933	18.479	4.552	5.000	34.600
GMQ (g/j)					
GMQ <sub>10-30</sub>	6933	167.03	68.13	-133.0	381.00
GMQ <sub>30-50</sub>	6933	165.46	58.79	-174.0	390.00
GMQ <sub>30-70</sub>	6933	162.13	52.32	-78.00	360.00
GMQ <sub>30-90</sub>	6933	160.42	52.56	-64.00	371.00

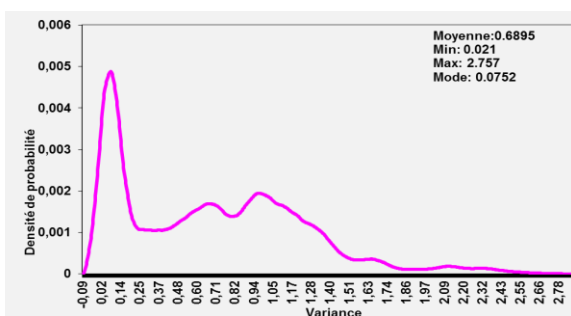
### 3.3. Estimation des paramètres génétiques

Les distributions marginales *a posteriori* des différents paramètres génétiques de la race Barbarine ont été obtenues par l'échantillonneur de Gibbs. Les résultats d'estimation des paramètres génétiques sont illustrés dans le tableau 3.

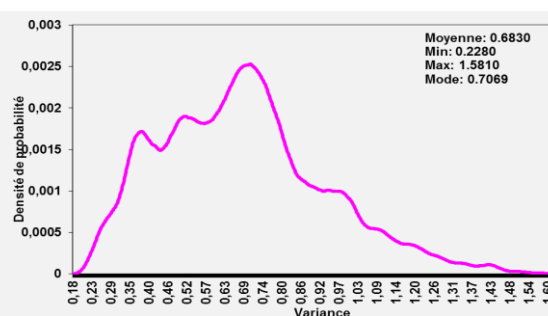
**Tableau 3.** Moyennes postérieures des paramètres génétiques estimés comparés aux estimations REML faites par Rabhi(2003) et Bedhiaf et al. (2006):

critères	Moyenne	Rabhi(2003)	Bedhiaf et al. (2006)
Variance directe	0.69	0.65	0.57
Variance maternelle	0.68	0.19	1.08
Variance env. perm.	0.35	1.92	0.62
Variance résiduelle	12.55	-	7.06
Héritabilité directe	0.048	0.026	0.058
Héritabilité maternelle	0.048	0.008	0.108

La variance de l'effet direct est de 0.69 alors que Rabhi (2003) a trouvé 0.65 et Bedhiaf-Romdhani et Djemali (2006) ont trouvé 0.57. D'autres travaux ont trouvés des valeurs très différentes : Mandal et al. (2006) avec la race Muzaffarnagari et pour le poids à 75 jours ont trouvé 3.23 ; avec la race Kermani, Mokhtari et al. (2008) ont trouvé 3.99. Concernant la distribution marginale *a posteriori* pour la variance de l'effet direct les valeurs sont comprises entre 0.02 et 2.76, avec une moyenne égale à 0.69 et un mode de 0.08 (Figure 4).

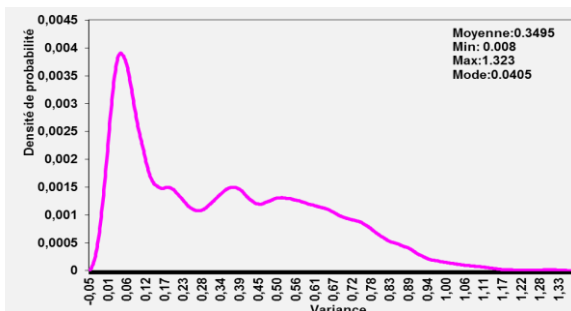


**Figure 4.** Distribution marginale *a posteriori* de la variance de l'effet direct.

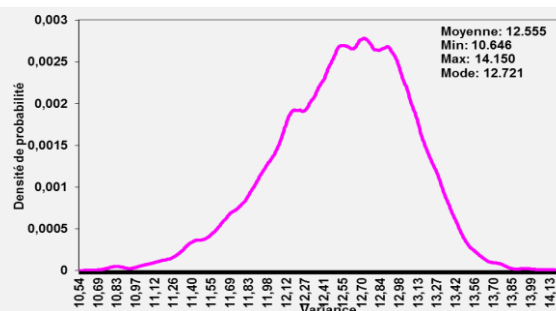


**Figure 5.** Distribution marginale *a posteriori* de la variance de l'effet maternel.

La valeur trouvée pour la variance de l'effet maternel est égale à 0.6830, ce résultat est inférieur au résultat de Bédhiaf-Romdhani et Djemali (2006) (1.076) alors que Rabhi (2003) a trouvé 0.190. Naser et al. (2001) ont trouvé un résultat nettement plus élevé, avec 1.83 et Mandal et al. (2006) ont trouvé une valeur nettement plus faible (0.361). D'après la Figure 5, la distribution marginale *a posteriori* de la variance de l'effet maternel varie entre 0.23 et 1.68 avec une moyenne de 0.68 et une valeur modale de 0.71. Concernant la variance de l'environnement permanent on a trouvé qu'elle est égale à 0.35. La distribution marginale pour ce critère a donné des valeurs entre 0.01 et 1.32 et un mode égal à 0.04 (Figure 7). Une valeur comparable (0.62) a été trouvée par Bedhiaf-Romdhani et Djemali (2006) alors que le résultat de Rabhi (2003) est nettement plus élevé (1.917). La distribution marginale *a posteriori* de la variance résiduelle varie entre 10.65 et 14.15, la moyenne est égale à 12.55 (contre 7.06 obtenue par Bedhiaf-Romdhani et Djemali, 2006) et le mode est égal à 12.72 (Figure 7).



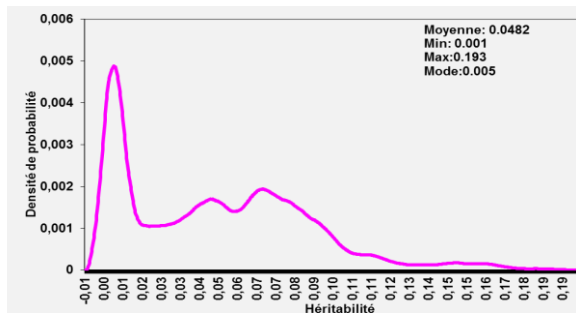
**Figure 6.** Distribution marginale *a posteriori* de la variance de l'effet de l'environnement permanent.



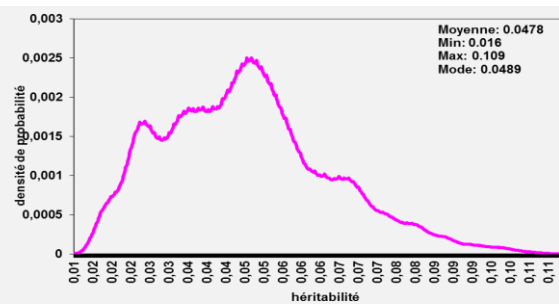
**Figure 7.** Distribution marginale *a posteriori* de la variance résiduelle.



D'après la Figure 8, la distribution marginale *a posteriori* de l'héritabilité de l'effet génétique direct a donné une courbe avec une moyenne égale à 0.05, une valeur minimale égale à 0.01, un maxima de 0.19 et une valeur modale égale à 0.01. On constate la présence de deux autres pics pour les valeurs (0.37 et 0.48). Pour l'héritabilité de l'effet génétique maternel la distribution marginale *a posteriori* se caractérise par des valeurs comprises entre 0.02 et 0.11, une moyenne égale à 0.05 et deux modes le premier à 0.05 et le second à 0.027 (Figure 9).

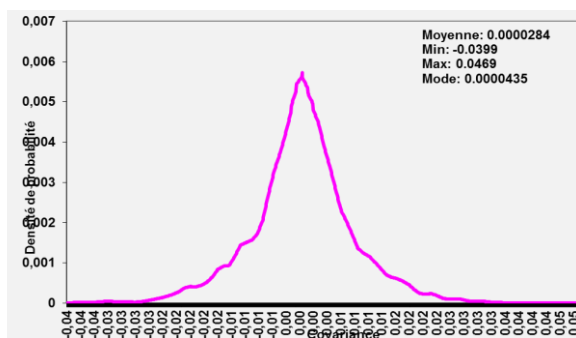


**Figure 8.** Distribution marginale *a posteriori* de l'héritabilité directe.

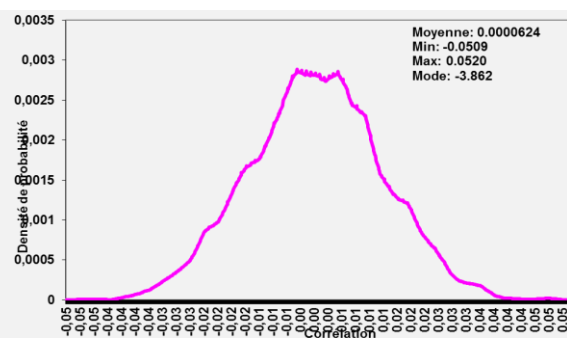


**Figure 9.** Distribution marginale *a posteriori* de l'héritabilité maternelle.

En ce qui concerne la distribution marginale postérieure de la covariance direct-maternel estimée varie entre -0.04 et 0.05, la moyenne est proche de zéro (Figure 10). D'après la figure 11, la corrélation direct-maternelle, la distribution a donné une courbe avec les caractéristiques suivantes : 0.00006, -0.05, 0.05 respectivement pour la moyenne, le minima et le maxima.



**Figure 10.** Distribution marginale *a posteriori* de la covariance direct-maternel.



**Figure 11.** Distribution marginale *a posteriori* de la corrélation direct-maternel.

#### 4. Conclusion

Au cours de ce travail nous avons utilisé une approche Bayésienne pour estimer les paramètres génétiques de la race Barbarine élevée dans les conditions du semi-aride tunisien. L'estimation de ces paramètres est faite des données réelles du contrôle de croissance réalisé par les agents de l'Office de l'Élevage et des Pâturages. Il ressort de ce travail les résultats suivants :

- ❖ Les variations de ces paramètres dépendent de la taille du troupeau et de la connaissance ou non des filiations paternelles.
- ❖ La méconnaissance de la filiation paternelle affecte principalement les paramètres relatifs à la composante génétique maternelle alors que la taille du troupeau affecte tous les paramètres génétiques.
- ❖ Les héritabilités des effets génétiques direct et maternel estimées en utilisant une base de données réelle sont faibles.
- ❖ L'obtention d'estimations fiables des paramètres génétiques chez les ovins allaitants exige l'utilisation de troupeaux de taille suffisamment grande, un contrôle de performance assez précis et la connaissance d'un pourcentage important de filiations paternelles.

## 5. Références

- Bedhiaf S. et M. Djemali (1998).** Evaluation génétique des ovins à viande par le modèle animal. Revue de l'INAT.vol 13 (1).
- Bedhiaf-Romdhani S. and M. Djemali (2006)** New genetic parameters to exploit genetic variability in low input production systems. *Livestock Science*.99,p 119-123.
- Bedhiaf-Romdhani S., M. Djemali and A.A. Bello (2008)** Inventaire des différents écotypes de la race Barbarine en Tunisie. *Animal Genetic Resources Information*, No. 43, p 43-47.
- Ben Gara A (2000)** Définition des objectifs de la sélection des ovins de race Barbarine en Tunisie. *Cahier Option Méditerranée* :p 111-116.
- Ben Hamouda M (1985)** Description biométrique et amélioration génétique de la croissance pondérale des ovins de race Barbarine. Thèse de doctorat en sciences agronomiques. Université d'état de gand.
- Djemali M., Aloulou R. et M. Ben Sassi (1995a).** Estimation de l'héritabilité des caractères de croissance des agneaux de race Barbarine par trois méthodes :MIVQUE(O), ML et REML.Cahier Option Méditerranée.Vol 6 : 101-106.
- Djemali M., Jmal, S., Hammami, H., Bedhiaf, S., Chellah, A. et R. Aloulou (1995b)** Acquis de la recherche en matière d'évaluation génétique des ovins et des caprins en Tunisie. *Cahiers Option Méditerranée*.11 :173-184.
- Geman, S., and D. Geman (1984)** Stochastic relaxation, Gibbs distributions and the Bayesian restoration of images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 6:721.
- Gianola D. and R.L. Fernando (1986)** Bayesian methods in animal breeding theory, *J.Anim. Sci.*63, 217-244.
- Mandal A.,Neser F.W.C.,Rout P.K.,Roy R. and D.R. Notter (2006).** Estimation of direct and maternal (co)variance components for pre-weaning growth traits in Muzaffarnagari sheep. *Livestock Science*,99 : 79– 89.
- Mokhtari M.S.,Rashidi A. et Y. Mohammadi (2008).** Estimation of genetic parameters for post-weaning traits of Kermani sheep. Article in press.
- OEP (2009).** Office de l'élevage et des pâturages. Données sectorielles.
- Rabhi H.2003.**Estimation des paramètres génétiques des caractères de croissance des agneaux de race Barbarine sous un modèle à effet maternel. Mémoire de diplôme d'études approfondies.INAT.
- Schenkel F.S. and L.R. Schaeffer (2000)** Effects nonrandom parental selection on estimation of variance components. *J. Anim. Breed. Genet.* 117 , 225-239.
- Sorensen D.A., Anderson S., Jensen J.,Wang C.S. and D. Gianola (1994)** Inferences about genetic parameters using the Gibbs sampler, in: *Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 7-12 August 1994,Vol. 18, University of Guelph, Guelph, pp. 321\_328.
- Sorensen D (1996)** Gibbs sampling in quantitative genetics. Internal report No. 82, Danish Institute of Animal Science, Tjele,
- Van Tassell C.P., Casela G. and E.J. Pollak (1995)** Effects of selection on estimates of variance components using Gibbs sampling and restricted maximum likelihood, *J. Dairy Sci.* 78, 678-692.
- Van Tassell C. P. and L. D. Van Vleck (1996)** Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference.
- Wang C.S., Rutledge J.J. and D. Gianola (1993)** Marginal inferences about variance components in a mixed linear model using Gibbs sampling. *Genet. Sel.*