

## Investigation de la diversité génétique des races Barbe et Arabe Barbe en Tunisie

**B. JEMMALI**<sup>1\*</sup>, **M. M. HADDAD**<sup>2</sup>, **H. OULED AHMED**<sup>3</sup>, **F. LASFER**<sup>2</sup>, **B. BEN AOUN**<sup>2</sup>, **S. EZZAR**<sup>2</sup>, **S. KRIBI**<sup>1</sup>, **S. GTARI**<sup>3</sup>, **M.H. EZZAOUIA**<sup>2</sup>, **B. REKIK**<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire d'Amélioration et de Développement Intégré de la Productivité Animale et des Ressources Alimentaires, Ecole Supérieure d'Agriculture de Mateur, Université de Carthage, Tunisie

<sup>2</sup> Fondation Nationale d'Amélioration de la Race Chevaline, Sidi Thabet

<sup>3</sup> Laboratoire d'Analyse Génétique Animale, Institut de la Recherche Vétérinaire de Tunisie

\* Auteur correspondant: bornijemali@yahoo.fr

**Abstract** - This study aims to investigate Barb and Arab Barb genetic diversity. In total 200 individuals were analyzed and DNA was amplified using 17 microsatellites. Results showed that a total of 306 alleles from 17 microsatellite loci were detected in 200 horses. The average number of alleles per locus was 8.33 (0.79) and 7.70 (0.613), in the Barb and Arab Barb horses, respectively; whereas the observed and expected heterozygosities per breed were 0.85 (0.03) and 0.86 (0.01). The Barb and Arab-Barb breeds seem to be genetically related.

**Keywords:** Horses, microsatellites, diversity, Tunisia

**Résumé** - Dans l'objectif de l'étude de la diversité génétique équine 200 échantillon de sang ont été collectés chez des chevaux de la race Barbe et de la race Arabe Barbe. L'ADN génomique a été amplifié par 17 microsatellites. Les résultats observés ont montré que pour la population Barbe les marqueurs utilisés ont généré une moyenne de 8.33 (0.79) d'allèles. Les taux d'hétérozygotie observé et d'hétérozygotie attendue respectivement de 0.85 (0.03) et 0.86 (0.01). La moyenne des allèles observés chez la population Arabe Barbe est 7.70 (0.613) allèle par locus. Les taux moyens d'hétérozygotie observée d'hétérozygotie attendue respectivement de 0.83 (0.03) et 0.86 (0.01). Les deux populations sont légèrement déficitaires en hétérozygotie. La population totale est moins excédentaire en hétérozygote que les deux populations chacune a part. L'analyse en composante principale, le dendrogramme obtenu ainsi que l'analyse factorielle des correspondances ont montré un chevauchement entre la constitution génétique des individus analysés et ont confirmé la base génétique commune.

**Mots clés :** chevaux, microsatellites, biodiversité, Tunisie

### 1. Introduction



Dans le monde entier, l'élevage des chevaux a une grande importance, dans plusieurs volets, sociale, économique, divertissement. En Tunisie on distingue cinq différentes races telles que le Pur Sang Arabe, le Pur Sang Anglais, le Barbe, l'Arabe Barbe et le Poney des Mogods. En 2015, l'effectif total des chevaux compte 26 000 têtes, dont 20 000 Barbe et Arabe Barbe, 5 000 Pur Sang Arabe et 1 000 Pur Sang Anglais. Il existe aussi 40 000 mules et mulets (FNARC 2015). Les chevaux peuvent être des chevaux de course, de selle dont ceux destinés à la reproduction. Il y a aussi les chevaux de travail, généralement barbes et arabe barbes et des chevaux d'origine indéterminée (inconnue) dite « OI », qui sont utilisés pour effectuer la traction et les travaux agricoles en milieu rural. Ils appartiennent à des petits élevages traditionnels. Ces populations chevalines sont réparties d'une façon inégale en Tunisie. Le nombre des chevaux ainsi que leur race sont en effet plus importants dans certaines régions que dans d'autres (Haddad et al. 2014). Le recensement et l'investigation, d'une manière fiable, de la diversité génétique des animaux nécessite le recours à aux technologies de pointes.

Au XXème siècle, l'humanité a connu la naissance de plusieurs branches scientifiques suite à la découverte de l'ADN, tel que la biotechnologie moléculaire, qui nous a aidé à décrypter le patrimoine génétique des espèces afin d'éviter les conflits d'identification. La caractérisation génétique des chevaux permet l'étude du polymorphisme et l'identification des marqueurs moléculaires. Le problème des confusions est dû à la sélection des individus à partir d'un nombre limité de caractères phénotypiques et non génotypiques. Les croisements anarchiques ont augmenté les risques d'érosion génétique et de consanguinité. Il est, donc, nécessaire de protéger la diversité génétique, en vue de l'exploitation et de la conservation du patrimoine existant. Nos objectifs dans ce présent travail consistent, d'une part, à caractériser les races Barbes et Arabe Barbe de point de vue moléculaire et d'autre part d'étudier leur diversité génétique et d'identifier leurs patrimoines privés.

## **2. Matériel et méthodes**

### **2.1. Matériel biologique:**

Les échantillons du sang utilisés dans ce travail sont extraits chez des chevaux Barbe et Arabe Barbe issues de la FNARC Sidi Thabet (Fondation Nationale d'Amélioration de la Race Chevaline), 100 échantillons de chaque race ont été conservés dans des tubes contenant l'EDTA (anticoagulant du sang total).

### **2.2. Extraction de l'ADN génomique :**

L'extraction d'ADN a été effectuée à partir du sang total des chevaux à l'aide du Kit d'extraction (Purelink™ Genomic DNA Mini Kit, Invitrogen).

### **2.3. Réaction de Polymérisation en Chaîne:**

Dans le cas de ce travail, on a utilisé une PCR multiplexe, qui nous a permis la mise en jeu plusieurs couples d'amorces, réalisée à l'aide d'un Kit « Stocks Marks for Horses Equine Genotyping kit Applied Biosystems ».

En total 17 microsatellites ont été utilisés pour caractériser et analyser la variabilité génétique des équidés (Tableau 1).

La visualisation de résultat a été faite sur ordinateur grâce à un logiciel Gene Mapper V.4, 0. La lecture des amplifias nous a permis l'affectation des lettres (M, N, R, J, P,...) selon la taille des produits PCR et la détermination des génotypes des individus analysés.

## **3. Résultats et discussion**

### **3.1. Paramètres de la diversité génétique:**

#### **3.1.1. Taux de polymorphisme :**

Dans le présent travail, un locus est considéré polymorphe au seuil de 5% dans le cas où il présente au moins deux allèles différents. Pour notre étude tout les loci sont 100% polymorphes au seuil de 5 % dans les deux échantillons étudiés.

#### **3.1.2. Nombre moyen d'allèles par locus**

Le nombre moyen d'allèles observés pour la race Barbe et la race Arabe Barbe est de 18 allèles. Le nombre d'allèles observé le plus élevé est celui des microsatellites VHL20 avec 26 allèles pour la race Barbe et ASB17 avec 25 allèles pour la race Arabe Barbe. Les marqueurs ayant un taux de

polymorphisme les plus faibles sont HMS3 et HTG7 respectivement pour le Barbe et Arabe Barbe avec 11 et 13 bandes. Ce nombre moyen d'allèle est supérieur à celui rapporté par Haddad et al. (2014) ainsi que Berber et al. (2014). Ducro et al. (2006) ont trouvé des résultats similaires à ceux rapporté par cette étude.

**Tableau 1.** Les microsatellites utilisés pour la caractérisation et l'identification de la variabilité intra et inter-population équine autochtone.

Locus	Les séquences des amorces (avant et arrière)	Taille (pb)	Références
<b>AHT4</b>	5': AACCGCCTGAGCAAGGAAGT 3': CCCAGAGAGTTTACCCT	144-164	Binns et al. 1995
<b>AHT5</b>	5': ACGGACACATCCCTGCCTGC 3': GCAGGCTAAGGAGGCTCAGC	126-144	Binns et al. 1995
<b>ASB2</b>	5': CCACTAAGTGTCTGTTTCAGAAGG 3': CACAACCTGAGTTCTCTGATAGG	216-250	Breen et al., 1997
<b>ASB17</b>	5': ACCATTCAGGATCTCCACCG 3': GAGGGCGGTACCTTTGTACC	87-129	Breen et al. 1997
<b>ASB23</b>	5': GAGGGCAGCAGGTTGGGAAGG 3': ACATCCTGGTCAAATCACAGTCC	175-211	Lear et al. 1999
<b>CA425</b>	5': AGCTGCCTCGTTAATTCA 3': CTCATGTCCGCTTGTCTC	226-246	Eggleston-Stott et al. 1997
<b>HMS1</b>	5': CATCACTCTTCATGTCTGCTTGG 3': TTGACATAAATGCTTATCCTATGGC	170-186	Guérin et al. 1994
<b>HMS2</b>	5': CTTGCAGTCGAATGTGTATTAATG 3': ACGGTGGCAACTGCCAAGGAAG	222-248	Guérin et al. 1994
<b>HMS3</b>	5: CCATCCTCACTTTTTCACTTTGTT 3': CCAACTCTTTGTACATAACAAGA	148-170	Guérin et al. 1994
<b>HMS6</b>	5': GAAGCTGCCAGTATTCAACCATTG 3': CTCCATCTTGTGAAGTGAACCTCA	151-169	Guérin et al. 1994
<b>HMS7</b>	5': TGTTGTTGAAACATACCTTGACTGT 3': CAGGAAACTCATGTTGATACCATC	165-185	Guérin et al. 1994
<b>HTG4</b>	5': CTATCTCAGTCTTGATTGCAGGAC 3': CTCCCTCCCTCCCTCTGTTCTC	127-139	Ellegren et al. 1992
<b>HTG6</b>	5': GTTCACTGAATGTCAAATCTGCT 3': CCTGCTTGGAGGCTGTGATAAGAT	84-102	Ellegren et al. 1992
<b>HTG7</b>	5': CCTGAAGCAGAACATCCCTCCTTG 3': ATAAAGTGTCTGGGCAGAGCTGCT	118-128	Marklund et al. 1994
<b>HTG10</b>	5':TTTTTATTCTGATCTGTACATTT 3': CAATCCCGCCCCACCCCGGCA	95-115	Marklund et al. 1994
<b>LEX3</b>	5': ACATCTAACCAGTGCTGAGACT 3': GAAGGAAAAAAGGAGGAAGAC	142-164	Coogle, Bailey 1998
<b>VHL20</b>	5': CAAGTCCTCTTACTTGAAGACTAG 3': AACTCAGGGAGAATCTTCCTCAG	87-105	Van Hearingen et al. 1994

### 3.1.3. Fréquence allélique :

Chez les deux races, étudiées, l'amplification des 17 loci a généré 306 allèles différents. Le nombre d'allèles moyen observés (Na) chez la population Arabe Barbe est de 7.70 (0.613).

On se basant sur les résultats observés on a remarqué que pour tout les marqueurs analysés Ne est toujours supérieur à Na ce qui indique un taux important de polymorphisme (Tableau 2). Chez la race Barbe, le nombre d'allèles moyen observés (Na) est de  $8.33 \pm 0.79$  (Tableau 3).

**Tableau 2.** Nombre observé et effectifs des allèles pour les microsatellites observés chez la race Arabe Barbe.

	VHL20	HTG4	AHT4	HmS7	HTG6	AHT5	HmS6	ASB23	ASB2	HTG10	HTG7	HmS3	HmS2	ASB17	Lex3	HMS1	Ca425
Na	22	16	18	18	19	18	19	18	22	20	13	16	17	25	19	12	13
Ne	12,671	7,722	7,145	10,616	6,566	6,826	8,638	6,053	8,344	7,773	4,087	8,648	6,241	12,516	8,285	4,748	3,938

**Tableau 3.** Nombre observé et effectifs des allèles pour les microsatellites observés chez la race Barbe.

	VHL20	HTG4	AHT4	HmS7	HTG6	AHT5	HmS6	ASB23	ASB2	HTG10	HTG7	HmS3	HmS2	ASB17	Lex3	HMS1	Ca425
Na	26	17	18	17	16	12	18	17	23	21	12	20	20	25	21	13	11
Ne	12,407	9,268	9,224	9,930	6,339	7,215	8,633	6,091	7,367	8,621	3,670	9,434	7,698	15,613	10,36	4,505	5,236

A partir de ces résultats, on a constaté que le nombre d'allèles efficace est toujours inférieur à celui observé. Ce qui confirme une diversité génétique intra population très importante. Ces résultats sont en accord avec celle rapportés par Meriaux et al. (1998).

### 3.1.4. Hétérozygotie observés (Ho) et hétérozygotie attendue (He):

Le taux d'hétérozygotie observé (Ho) chez la race Arabe Barbe pour les microsatellites analysés a varié de 0.583 pour l'ASB23 à 0.95 pour Ca425 avec une moyenne de  $0.835 \pm 0.029$  allèles. Le taux d'hétérozygotie attendue (He) chez la population Arabe Barbe pour les microsatellites analysés varie entre 0.746 pour Ca425 et 0.921 pour VHL20 avec une moyenne de  $0.856 \pm 0.012$  (Tableau 4). Ce taux (Ho) chez la race Barbe a varié de 0.57 pour le HMS1 à 0.96 pour Ca425 avec une moyenne de 0.85 (0.03) allèles. Le taux d'hétérozygotie attendue (He) chez la race Barbe pour les microsatellites analysés varie entre 0.73 pour HTG7 et 0.94 pour ASB17 avec une moyenne de 0.86 (0.01) (Tableau 5).

Dans l'étude réalisée par Melliani (2007) sur la caractérisation génétique du cheval Barbe au Maroc, les taux d'hétérozygotie moyens attendus et observés sont respectivement de 0.740.1186 et 0.618.1228, nos résultats sont similaires à ceux obtenus par Melliani (2007) et sont proches à ceux obtenus par Aberle et al. (2004) ; Felicetti et al. (2010) ; Cothran et al. (2011). D'autres races génétiquement similaires ont présenté un taux d'hétérozygotie moyen attendu et observé de 0,743 et 0,680 respectivement (Leroy et al. 2009 ; Shasa 2010). On remarque que l'hétérozygotie attendue est supérieure à celle observée, malgré la richesse de la variabilité allélique, il y a un manque significatif d'hétérozygotes. C'est probablement une conséquence du type de la gestion de l'élevage.

Les taux d'hétérozygotie obtenus sont élevés et indiquent que les deux populations Barbes sont hétérogènes et présentent une grande variabilité génétique, Ceci est en corrélation avec le nombre d'allèles élevés, les fréquences alléliques et les résultats morphométriques et phénotypiques préalablement obtenus montrant une forte hétérogénéité des chevaux Barbes au Maroc et en Tunisie.

**Tableau 4.** Hétérozygotie observés et hétérozygotie attendue chez la race Arabe Barbe.

	VHL20	HTG4	AHT4	HmS7	HTG6	AHT5	HmS6	ASB23	ASB2	HTG10	HTG7	HmS3	HmS2	ASB17	Lex3	HMS1	Ca425
Ho	0,869	0,810	0,910	0,930	0,860	0,940	0,909	0,583	0,917	0,900	0,900	0,827	0,753	0,900	0,617	0,626	0,950
He	0,921	0,871	0,860	0,906	0,848	0,854	0,884	0,835	0,880	0,871	0,755	0,884	0,840	0,920	0,879	0,789	0,746

**Tableau 5.** Hétérozygotie observés et hétérozygotie attendue chez la race Barbe.

M	VHL20	HTG4	AHT4	HmS7	HTG6	AHT5	HmS6	ASB23	ASB2	HTG10	HTG7	HmS3	HmS2	ASB17	Lex3	HMS1	Ca425
Ho	0,90	0,89	0,869	0,930	0,870	0,960	0,708	0,720	0,98	0,960	0,940	0,776	0,817	0,920	0,72	0,568	0,960
He	0,919	0,892	0,892	0,899	0,842	0,861	0,884	0,836	0,86	0,884	0,728	0,894	0,870	0,936	0,90	0,778	0,809

### 3.1.5. Indices de fixation:

L'indice de fixation (Fis) observé chez les individus analysés de la race Barbe et de la race Arabe Barbe pour les microsatellites ont varié entre - 0.292 pour le HTG7 (excès en hétérozygotes) et 0.269 pour le HMS1 (déficit en hétérozygotes) et -0.273 pour le Ca425 (excès en hétérozygotes) et 0.298 pour le Lex3 (déficit en hétérozygotes) (Tableau 6 et 7).

**Tableau 6.** Indice de fixation chez la race Barbe.

	VHL20	HTG4	AHT4	HmS7	HTG6	AHT5	HmS6	ASB23	ASB2	HTG10	HTG7	HmS3	HmS2	ASB17	Lex3	HMS1	Ca425
Fis	0,021	0,002	0,026	-0,034	-0,033	-0,114	0,199	0,138	-0,13	-0,086	-0,292	0,133	0,061	0,017	0,203	0,269	-0,187

**Tableau 7.** Indice de fixation chez la race Arabe Barbe

	VHL20	HTG4	AHT4	HmS7	HTG6	AHT5	HmS6	ASB23	ASB2	HTG10	HTG7	HmS3	HmS2	ASB17	Lex3	HMS1	Ca425
Fis	0,057	0,070	-0,058	-0,027	-0,015	-0,101	-0,028	0,301	-0,041	-0,033	-0,192	0,065	0,103	0,022	0,298	0,207	-0,273

Les individus d'une même espèce se dispersent et se répartissent en plusieurs populations. Chacune des populations peut évoluer et acquérir une organisation génétique, caractérisée par des différences alléliques plus ou moins différentes de celle des populations voisines. On assiste à une diversification des populations, cependant, le plus souvent, elles continuent à échanger des individus par migration (pas d'isolement total). Ce flux de migratoire tend à homogénéiser les populations (brassage génétique) et à limiter leur diversification.

La Réduction éventuelle d'hétérozygotie à l'intérieur des populations (Fis) mesure l'écart entre hétérozygote  $H_o$  et le taux d'hétérozygotie attendu d'une population d'individus trouvés à l'écart de l'équilibre de Hardy Weinberg, il est appelé aussi l'écart à la panmixie. Si les populations étudiées sont à l'équilibre de HW,  $Fis = 0$ . Si Fis est négatif les populations présentent un excès d'hétérozygotie. Les valeurs pour l'indice de fixation calculé pour les populations étudiées sont différentes de 0 et elles sont négatives pour certain marqueurs analysés. Ces résultats indiquent une hétérozygotie excédentaire.

La Réduction attendue d'hétérozygotie à l'intérieur des populations (Fit) indique la différenciation des individus par rapport au total des populations étudiées. L'indice de fixation attendu, pour tous les individus analysés des deux populations, montre un excès en hétérozygote. Par comparaison des deux indices Fis et Fit on constate que la population totale est moins excédentaire en hétérozygote que les deux populations chacune a part. L'excès d'hétérozygote pour tous les individus analysés « population totale » est de l'ordre de 10 %

L'Indice de différenciation ou L'indice de fixation (Fst) est un indice permettant de mesurer la différenciation des populations à partir du polymorphisme génétique. Les Fst calculés ont varié entre 0.001 pour HMS7 et ASB23 et 0.008 pour Lex3. La valeur moyenne calculée pour cet indice est de 0.03 %. La différenciation moyenne entre les populations est de  $Fst = 0,003$  ce qui peut être considéré comme une valeur faible, indiquant l'origine de la variation génétique totale dans l'espèce. Rappelons que la diversité génétique totale est la somme de la diversité génétique intra-population et de la diversité génétique inter-population. La valeur  $Fst = 0.003$  détermine qu'une grande part (99.7%) de la variabilité génétique totale est expliquée par la variation intra-population et que 0.03 % de cette variabilité est attribuée aux différences entre populations de l'espèce.

### 3.1.6. Nombre de migrants estimé par génération (Nm) :

Le flux génétique, aussi nommé flux de gènes ou migration des gènes, correspondent à l'échange de gènes ou de leurs allèles entre différentes populations apparentées en raison de la migration d'individus fertiles ou de leurs gamètes. Les flux géniques ont généralement lieu au sein d'une même espèce. Ces flux tendent à réduire les différences génétiques entre les populations. C'est-à-dire à homogénéiser les fréquences alléliques entre les populations. Plus le flux de gènes entre deux populations est important, plus les populations sont attendues similaires (mêmes allèles présents, mêmes fréquences alléliques). On dit qu'elles sont peu différenciées. En fait s'il est assez important il peut fondre deux populations pour n'en faire qu'une, avec un seul et même patrimoine génétique. L'impact des flux géniques au sein d'une population est globalement le même qu'entre différentes populations. Il est cependant plus difficile à observer et à mesurer, en particulier dans des populations continues. Dans

notre étude on a constaté un flux génique très important. Ce flux a varié entre 31.132 pour le Lex3 et 224.436 pour l'ASB23. La moyenne de flux génique entre les deux populations étudiées est de 97.416 (12.7). Cette valeur importante va avoir des répercussions sur l'étude des distances génétiques entre les individus des deux populations.

**Tableau 8.** Paramètre génétique de la diversité inter-population Fis, Fit, Fst et Nm pour les populations Barbe et Arabe-Barbe

Locus	Fis	Fit	Fst	Nm
VHL20	0,039	0,041	0,002	136,479
HTG4	0,036	0,039	0,003	77,648
AHT4	-0,015	-0,012	0,003	79,374
HmS7	-0,030	-0,029	0,001	167,139
HTG6	-0,024	-0,018	0,005	46,684
AHT5	-0,108	-0,106	0,002	155,900
HmS6	0,086	0,088	0,003	83,056
ASB23	0,220	0,220	0,001	224,436
ASB2	-0,087	-0,082	0,004	59,764
HTG10	-0,060	-0,055	0,005	52,555
HTG7	-0,241	-0,239	0,002	146,822
HmS3	0,099	0,101	0,002	101,062
HmS2	0,082	0,084	0,003	95,666
ASB17	0,019	0,024	0,004	58,366
Lex3	0,250	0,256	0,008	31,132
HMS1	0,238	0,240	0,003	93,706
Ca425	-0,228	-0,222	0,005	46,281
Moyenne	0,016	0,019	0,003	97,416
Ecart type	0,035	0,034	0,000	12,700

Fis et Fit: indice de fixation observé et non biaisé ; Fst : variance standardisée ; Nm : nombre de migrants effectifs par génération

### 3.1.7. Allèles privés :

C'est un indice d'originalité génétique est le nombre d'allèles présents dans une population à l'exclusion de toute autre populations, ce qu'on appelle les allèles « privés ». Leur nombre est indiqué pour chaque population au niveau du tableau 9. On a remarqué que le nombre d'allèles privé pour la population Barbe est moins que celui pour les individus Arabe Barbe. Les allèles ayant des fréquences élevées peuvent être un moyen de différenciation pour les populations. En utilisant ce paramètre on peut confirmer l'appartenance ou non d'un individu d'origine inconnue à une population.

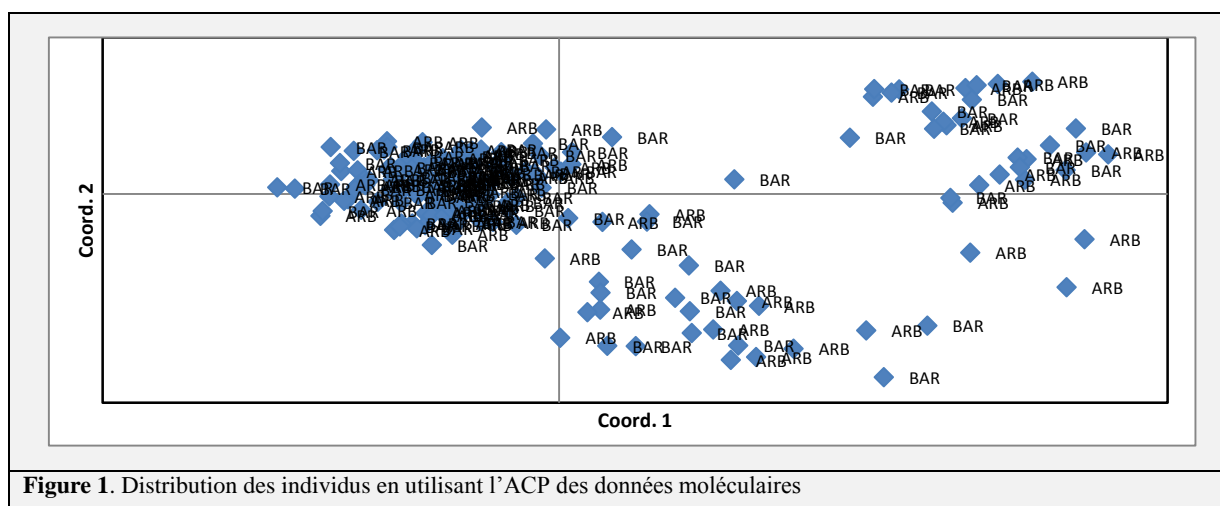
**Tableau 9.** Les allèles privés par population.

Pop	Locus	Nombre d'allèle	Somme des fréquences
ARB	AHT4	3	0,02
	AHT5	6	0,045
	ASB2	3	0,021
	ASB17	2	0,01
	ASB23	5	0,031
	HTG4	1	0,055
	HTG6	6	0,045
	HTG7	2	0,015
	HTG10	3	0,02
	HMS1	1	0,005
	HMS2	1	0,019
	HMS3	1	0,005
	HMS6	2	0,011
	HMS7	3	0,015
	Ca425	4	0,025
	Lex3	1	0,011
	VHL20	1	0,010
BAR	AHT4	3	0,035
	ASB2	4	0,026
	ASB17	2	0,015
	ASB23	4	0,027
	HTG4	2	0,01
	HTG6	3	0,035
	HTG7	1	0,005
	HTG10	4	0,055
	HMS1	2	0,021
	HMS2	4	0,043
	HMS3	5	0,061
	HMS6	1	0,006
	HMS7	2	0,01
	Ca425	2	0,055
	Lex3	3	0,075
	VHL20	5	0,045
	AHT5	0	0

### 3.2. Distance génétique et construction des dendrogrammes :

#### 3.2.1. Distance génétique :

Une estimation des distances génétiques entre les individus de la population a été réalisée. Ces distances ont été déduites à partir du calcul des coefficients de dissimilarité et de l'analyse en composantes principales. Le coefficient calculé est de 0.042. L'Analyse des composantes principales (ACP) trouvé montre un chevauchement entre la constitution génétique des individus analysés des deux échantillons confirme les résultats déjà illustrés (Figure 1).



### 3.2.2. Construction des dendrogrammes :

En se basant sur la matrice des distances génétiques le phénoqramme trouvé confirme le chevauchement entre les individus analysés (Figure 2). Cette répartition sur l'arbre phylogénique, peut être expliquée par l'existence d'une large base génétique commune entre les individus de deux populations.

La figure 3 montre l'Analyse Factorielle des Correspondances (AFC) des deux populations analysées. Tous les individus ont présentés une base génétique commune pour les marqueurs testés sauf pour quelques individus de la population Arabe Barbe ou leurs distinctions peut être dut a des choix de croisement.

Les résultats observés sont similaire à ceux trouvé par Haddad et al. (2014). Sebtaoui et al. (2015) ont présenté les mêmes résultats concernant la caractérisation moléculaire de les races équines Barbe et Arabe Barbe.

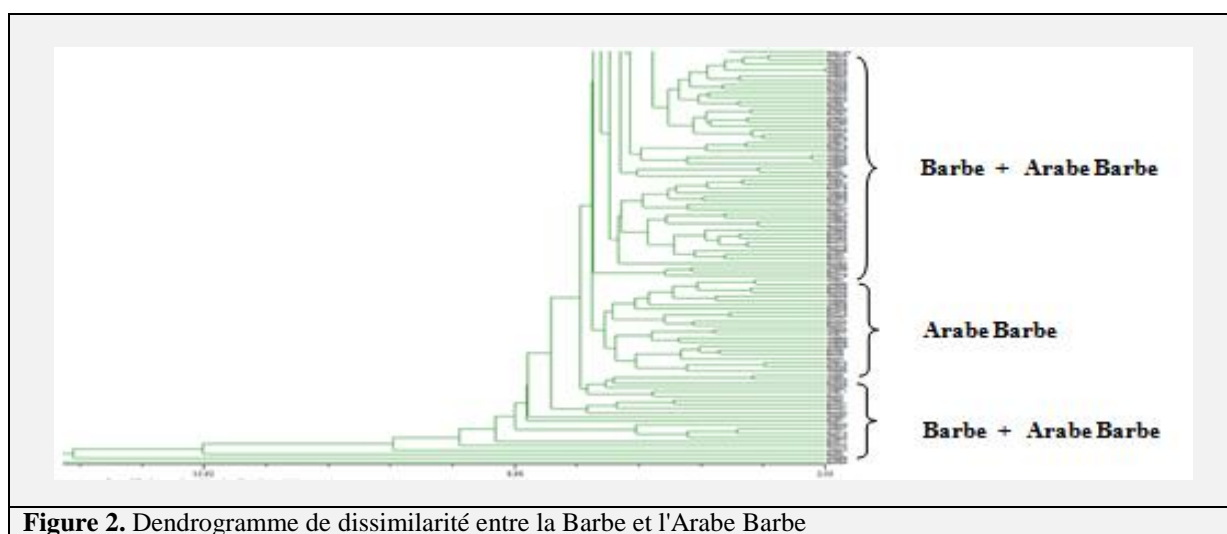


Figure 2. Dendrogramme de dissimilarité entre la Barbe et l'Arabe Barbe

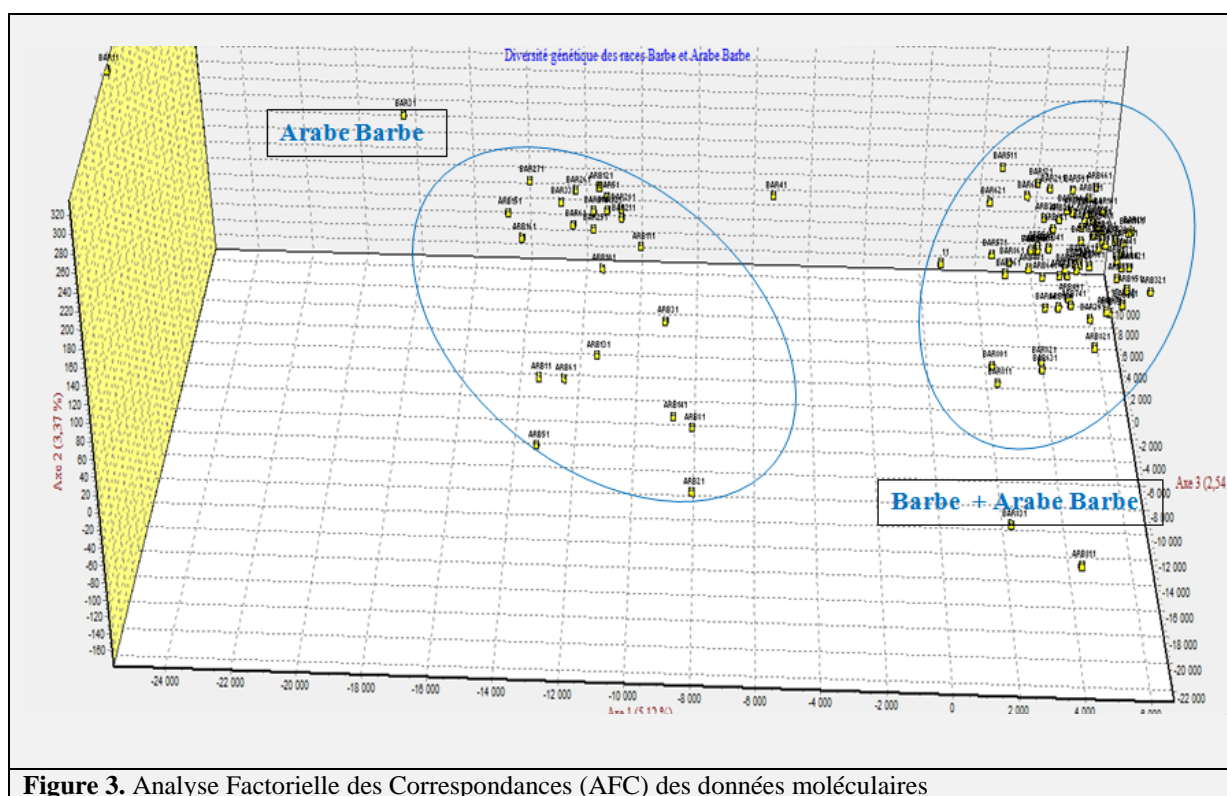


Figure 3. Analyse Factorielle des Correspondances (AFC) des données moléculaires



#### 4. Conclusions

Pour la population Barbe les marqueurs utilisés ont généré une moyenne de 8.33 (0.79) d'allèles. Les taux d'hétérozygotie observé et d'hétérozygotie attendue respectivement de 0.85 (0.03) et 0.86 (0.01). La moyenne des allèles observés chez la population Arabe Barbe est 7.70 (0.613) allèle par locus. Les taux moyens d'hétérozygotie observée d'hétérozygotie attendue respectivement de 0.83 (0.03) et 0.86 (0.01). Les deux populations sont légèrement déficitaires en hétérozygotie. La population totale est moins excédentaire en hétérozygote que les deux populations chacune a part. L'analyse en composante principale, le dendrogramme obtenu ainsi que l'analyse factorielle des correspondances ont montré un chevauchement entre la constitution génétique des individus analysés et ont confirmé la base génétique commune.

#### 5. Références

- Aberle KS, Hamann H, Drogemuller C, Distl O (2004)** Genetic diversity in German draught horse breeds compared with a group of primitive, riding and wild horses by means of microsatellite DNA markers. *Anim Genet* 35: 270–277.
- Berber N, Gaouar S, Leroy G, Kdidi S, Tabet Aouel N, Saïdi Mehtar N (2014)** Molecular characterization and differentiation of five horse breeds raised in Algeria using polymorphic microsatellite Markers. *J. Anim. Breed Genet.* 1-8.
- Binns MM, Holmes NG., Holliman A, Scott AM (1995)** The identification of polymorphic microsatellite loci in the horse and their use in thoroughbred parentage testing. *The British Veterinary Journal* 151: 9-15.
- Cothran EG, Canelon JL, Luis C, Conant E, Juras R (2011)** Genetic analysis of the Venezuelan Criollo horse. *Genet Mol Res* 10: 2394–2403.
- Ducro BJ, Bovenhuis H, Neuteboom M, Hellinga I (2006)** Genetic diversity in the Dutch Friesian horse. In *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production: 13–18 August 2006*.
- Eggleston-Stott ML, Valle ADBautista M, Dileanis S, Wictum E, Bowling AT (1997)** Nine equine dinucleotide repeats at microsatellite loci UCDEQ136, UCDEQ405, UCDEQ412, UCDEQ425, UCDEQ437, UCDEQ467, UCDEQ487, UCDEQ502 and UCDEQ505. *Anim. Genet* 28: 370-383.
- Ellegren H, Johansson M, Sandberg K, Andersson L (1992)** Cloning of highly polymorphic microsatellites in horse. *Anim Genet* 23.
- Felicetti M, Lopes MS, Verini-Supplizi A, Machado Ada C, Silvestrelli M (2010)** Genetic diversity in the Maremmano horse and its relationship with other European horse breeds. *Anim Genet* 41 : 253-55.
- FNARC (2015)** Fondation Nationale d'Amélioration de la Race Chevaline, Rapport d'activité annuel, FNARC 2015.
- Coogle L, Bailey E (1998)** Equine dinucleotide repeat loci LEX064 through LEX070. *Anim. Genet* 30: 66-80.
- Guénin G, Bertand M, Amigues Y (1994)** Characterisation of seven new horse microsatellites : HMS1, HMS2, HMS3, HMS5, HMS6, HMS7, HMS8. *Anim Genet* 25 :62.
- Haddad MM, Jemmali B, Bedhif A, Bedhif S, Djemali M (2014)** Caractérisation moléculaire des races chevalines autochtones en Tunisie. *Journal of New Sciences* 2(2): 11-20.
- Lear TL, Brandon R, Bell K (1999)** Physical mapping of ten equine dinucleotide repeat microsatellites. *Anim Genet* 30:235.
- Leroy G, Calledo L, Verrier E, Meriaux JC, Ricard A (2009)** Genetic diversity of a large set of horse breeds raised in France assessed by microsatellite polymorphism. *Genet Sel Evol* 41: 5.
- Marklund S, Ellegren H, Eriksson S, Sandberg K, Andersson L (1994)** Parentage testing and linkage analysis in the horse using a set of highly polymorphic microsatellites. *Anim Genet* 25:19-23.
- Meriaux JC, Rognon X, Mahla R, Ouragh L, Boscher MY (1998)** Usefulness of Microsatellite Markers for Parentage Control and Phylogenetic Relationships in France and Moroccan Horse Breeds, Poster presented in international conference on animal genetics, Auckland, New Zealand, 1998.
- Sebtaoui L, Jemmali B, Ouled Ahmed H, Sadfi A, Haddad MM, Ben Alaya E, Kamoun M, Ben Gara A, Rekik B (2015)** Etude de la diversité génétique de races équine en Tunisie. *Biotechnologie Animale. IIIème Congrès International de Biotechnologie et Valorisation des Bio-Ressources (BVBR) Mars 2015. Tabarka* 20 -23.
- Shasavarani H, Rahimi-Mianji G (2010)** Analysis of genetic diversity and estimation of inbreeding coefficient within Caspian horse population using microsatellite markers. *Afr J Biotechnol* 9: 293-299.
- Van Haeringen H, Bowling AT, Stott ML, Lenstra JA, Zwagstra KA (1994)** A highly polymorphic horse microsatellite locus: VHL20. *Anim Genet* 25 :207.